

①⑨ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 17 557 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 17 557.4
㉔ Anmeldetag: 9. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 21. 10. 99

㉕ Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04
C 12 N 15/11
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
// G01N 33/68,
33/15(C12N
1/21,C12R
1:19)

DE 198 17 557 A 1

㉗ Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉘ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉚ Erfinder:
Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 14197 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ㉙ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovartumorgewebe
㉙ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Ovartumor-
gewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren,
und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 557 A 1

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. **Fig. 1**, **Fig. 2a** und **Fig. 3**). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in **Fig. 2b1–2b4** dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäuresequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123, die im Ovariumtumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1, 2, 18, 34, 51, 56, 61, 89, 98, 101, 106, die im Testistumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 27, 32, 42, 46, 60, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540,

pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die expri- miert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tieri- sche oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kul- tivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gän- giger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biolo- gisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 124–257.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 124–257 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 123 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 124–257 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Se- quenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstof- fen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arz- neimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 124 bis 257 ent- halten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten re- gulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Biblio- theken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so iso- lierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromo- somen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid- Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. **Fig. 5**).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone; enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 103, zur Verwendung als Vehikel zum Gen- transfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollän- gen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 2b1–2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1–2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403–410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389–3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08× stärker

im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178	
Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366	
Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803	10
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562	
Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780	
Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299	0.6536	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	15
Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147				
Zervix	0.0426				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0028				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0178				
Lunge	0.0108				40
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				50
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0259				
Hoden	0.0000				55
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0479				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				60

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82× stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
10	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
	Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
	Hoden	0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
20	Lunge	0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
25	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die $6,94 \cdot x$ stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185	10
Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	15
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302	20
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0445				30
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				
	FOETUS				35
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.1418				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				
Gastrointestinal	0.0244				55
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0137				60
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
10	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
15	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
20	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
25	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
35	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0205			
55	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			
60					
65					

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				60
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				65
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0194				
Hoden	0.0000				70
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				75
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260	15
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	20
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0106				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343	
Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573	
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990	
Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365	10
Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808	20
Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0217				
Zervix	0.0319				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133	
Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268	20
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296	5
Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640	10
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658	
Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057	15
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	20
Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265	
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631	25
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782	
Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813	30
Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256	35
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0178				45
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0182				
Zervix	0.0426				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0094	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0050	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0113	0.9818	1.0186
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0093	0.0082	1.1431	0.8748
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
20	Pankreas	0.0066	0.0221	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0319				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				60
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933	5
Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072	10
Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364	
Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522	10
Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440	
Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775	
Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566	20
Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357	
Brust-Hyperplasie	0.0352				
Prostata-Hyperplasie	0.0535				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835	15
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0357				
Samenblase	0.0890				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0213				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0017				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0012				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duenndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
20	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
25	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0626
	Haematopoetisch	0.0590
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0391
	Lunge	0.0650
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0432
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0573
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0333

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
10	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0023				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0963	0.1245	8.0347
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0881	0.0740	1.1907	0.8398
10	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Magen-Speiseroehre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointental	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				65
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0291

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489	10
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	
Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890	15
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035	
Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683	10
Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

54

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639	5
Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774	
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749	
Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658	10
Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169	
Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003	
Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206	20
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0160				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0208				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944	5
Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921	
Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043				
Zervix	0.0213				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222	5
Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099	
Duenndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358	
Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950	10
Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614	
Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef	
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0256				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
20	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666	5
Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef	
Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0182				
Zervix	0.0213				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				45
Herz-Blutgefuesse	0.0178				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				
Placenta	0.0061				50
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				55
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				60
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0246				
Nerven	0.0060				65
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
20	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681	5
Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715	
Duenndarm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042	
Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730	10
Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046	
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985	
Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200	
Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897	15
Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551	
Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444	
Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755	
Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206	20
Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607	
Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0835
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0077	0.0526	0.1458	6.8574	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0300	0.0754	0.3970	2.5190	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	20
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Magen-Speiseroehre	0.2996	0.0077	39.0765	0.0256	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0665	0.1173	8.5221
	Brust	0.0217	0.0169	1.2854	0.7779
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0925	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0163	0.0647	0.2514	3.9775
	Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.0307	0.0412	0.7453	1.3418
15	Hoden	0.0058	0.0819	0.0703	14.2284
	Lunge	0.0426	0.0675	0.6312	1.5843
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1801	5.5532
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0480	0.5354	1.8677
	Niere	0.0000	0.0822	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0090	0.0800	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0192	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0278
	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0383	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0141	0.0301	0.4679	2.1374	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0234	0.2558	3.9088	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109	10
Gehirn	0.0074	0.0185	0.4000	2.5001	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0615	0.0275	2.2358	0.4473	15
Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0660	0.2596	3.8522	
Niere	0.0027	0.0479	0.0566	17.6536	20
Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.1290	0.1181	8.4650	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0480				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0213				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.2721
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.2685
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
25	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0364	0.2467	4.0535	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072	
Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	30
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0278				40
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0275				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0253				
Nebenniere	0.0761				50
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				55
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				60
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0128				
Gastrointestinal	0.0000				65
Haematopoetisch	0.0285				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				70
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				75

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
10	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0169
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0029				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0342				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
10	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
20	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0153	0.0338	0.4537	2.2042	
Duenndarm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0150	0.0416	0.3598	2.7796	
Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0125	2.9887	0.3346	
Gastrointestinal	0.0441	0.0278	1.5877	0.6299	10
Gehirn	0.0118	0.0246	0.4800	2.0835	
Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133	
Herz	0.0244	0.1375	0.1773	5.6394	15
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	
Lunge	0.0457	0.0429	1.0645	0.9394	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0360	0.7615	1.3133	
Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0165	0.0110	1.4957	0.6686	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0436	0.0426	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0541	0.4222	0.1280	7.8106	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0832				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.1110				
Zervix	0.0106				
					35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0222				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0788				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0122				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0164				65
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duenndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
15	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
20	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
25	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.1083
	Gehirn	0.0500
	Haematopoetisch	0.0944
	Haut	0.2513
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0712
	Lunge	0.1409
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.1297
45	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0163
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0077
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497	5
Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174	
Duenndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139	
Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992	
Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459	
Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779	
Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640	
Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480	15
Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391	
Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267	
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466	
Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775	
Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520	20
Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500	
Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360	
Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509	
Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0505				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0772				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0663	0.0511	1.2966	0.7712	5
Brust	0.0371	0.0301	1.2335	0.8107	
Duenndarm	0.0491	0.0827	0.5932	1.6858	
Eierstock	0.0180	0.0494	0.3636	2.7506	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0401	1.1462	0.8724	
Gastrointestinal	0.0383	0.0324	1.1833	0.8451	10
Gehirn	0.0222	0.0144	1.5428	0.6482	
Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711	
Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0259	0.9191	1.0880	
Herz	0.0392	0.0275	1.4263	0.7011	15
Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571	
Lunge	0.0249	0.0327	0.7621	1.3122	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139	1.4008	
Niere	0.0326	0.0137	2.3791	0.4203	20
Pankreas	0.0165	0.0497	0.3324	3.0085	
Penis	0.0509	0.0267	1.9094	0.5237	
Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366	25
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0320				
Prostata-Hyperplasie	0.0505				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0225				
Zervix	0.0426				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
15	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
20	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.2302
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.1632

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0231
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0310
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0416	0.4317	2.3163	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0498	0.1156	0.4307	2.3216	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	20
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873	25
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duenndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
25	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0256
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.1084
	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174	5
Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164	
Duenndarm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988	
Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827	10
Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153	
Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400	
Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173	15
Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877	
Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014	
Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520	20
Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371	
Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807	
Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714	
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				
Samenblase	0.0534				
Sinnesorgane	0.0588				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0234				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487	10
Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451	
Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duenndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
10	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
15	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.1971
	Gehirn	0.0500
	Haematopoetisch	0.0551
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.1040
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
	Lunge	0.1120
	Nebenniere	0.1521
	Niere	0.0309
45	Placenta	0.1212
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0262
	Gastrointestinal	0.1220
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.2211
	Nerven	0.0502
	Prostata	0.0615
	Sinnesorgane	0.1471
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917	5
Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510	
Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441	
Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127	10
Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013	
Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720	
Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107	15
Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0416				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087				
Zervix	0.0213				
					35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0438				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0427				
Lunge	0.0145				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0377				
					50
					55
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0111				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0491				65
Nerven	0.0231				
Prostata	0.0342				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
20	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0341
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146	
Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217	
Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281	20
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	25
Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140	
Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				55
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				60
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0087				
Gastrointestinal	0.0244				65
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0333				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0435	0.5384	1.8574
	Brust	0.0512	0.0470	1.0888	0.9184
	Duenndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0449	0.0754	0.5955	1.6793
10	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0502	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0441	0.0509	0.8660	1.1547
	Gehirn	0.0214	0.0442	0.4856	2.0595
	Haematopoetisch	0.0682	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0453	0.6303	1.5867
	Herz	0.0604	0.0962	0.6278	1.5929
	Hoden	0.0345	0.0819	0.4217	2.3714
20	Lunge	0.0322	0.0736	0.4375	2.2858
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0613	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4640	2.1551
	Niere	0.0679	0.0616	1.1014	0.9079
25	Pankreas	0.0430	0.0828	0.5185	1.9286
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0392	0.0490	0.8011	1.2483
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0611	1.3717	0.7290
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0703			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
35	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0974
	Gastrointestinal	0.0777
	Gehirn	0.0751
	Haematopoetisch	0.0511
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0569
	Lunge	0.0578
45	Nebenniere	0.1521
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.1632

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0979
55	Foetal	0.0326
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0205
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911	5
Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900	
Duenndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789	
Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811	
Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496	
Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168	
Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599	
Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326	
Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef	
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.1682				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0364				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0557				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				65
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0125				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741	5
Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083	
Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	10
Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
Zervix	0.0000				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0107				
Lunge	0.0181				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				60
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0231				
Lunge	0.0164				65
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0328
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287	
Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				
Zervix	0.0106				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0047				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0164				65
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duenndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713	
Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef	
Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446	
Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406	20
Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duenndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
10	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
15	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
20	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1113
	Gastrointestinal	0.0694
	Gehirn	0.0938
	Haematopoetisch	0.0590
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.1281
	Lunge	0.0397
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0432
45	Placenta	0.0485
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.1381

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0454
	Hoden	0.0077
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0753
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0500
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096	10
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
10	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
20	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.1411			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	10
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	15
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	20
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	25
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
Zervix	0.0000				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736	5
Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939	
Duenndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832	10
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907	
Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365	
Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063	15
Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200	20
Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456	
Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163	
Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029	25
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775	
Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439	30
Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857	
Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936	
Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0384				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0534				45
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0303				
Zervix	0.0319				50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0234	0.0588	0.3979 2.5129	5
Brust	0.0179	0.0507	0.3529 2.8339	
Duenndarm	0.0245	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289 3.0402	
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906 0.7749	
Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629 2.1603	10
Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086 3.2409	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471 6.7999	
Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163	
Lunge	0.0270	0.0225	1.2008 0.8328	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563 1.3222	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510	
Niere	0.0326	0.0616	0.5287 1.8915	20
Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176 4.5964	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0458	0.0617	0.7412 1.3491	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0352			
Prostata-Hyperplasie	0.0476			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			30
Zervix	0.0106			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0167			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0325			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			45
Placenta	0.0303			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0253			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0169			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0231			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0083			65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
20	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.1809	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0240	0.0598	0.4004	2.4973	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.2184	0.0416	5.2461	0.1906	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4202	2.3799	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0066	0.0221	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0083				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				60
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
15	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
20	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
25	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointenstinal	0.0500
	Gehirn	0.0876
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0142
	Lunge	0.0434
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0556
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.1130

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0402
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0375

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777	5
Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129	
Duennndarm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647	
Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857	
Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329	10
Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126	
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666	
Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941	15
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef	
Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef	
Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483	20
Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980	
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357	
Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0576				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.1068				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				
Zervix	0.0319				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
15	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
25	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0107
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef	5
Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678	
Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				
Zervix	0.0106				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0000				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0247				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0101				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0105				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0285				
Haut-Muskel	0.0324				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0246				65
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0410				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0128	2.1356	0.4682
	Brust	0.0141	0.0169	0.8318	1.2023
	Duenndarm	0.0215	0.0496	0.4325	2.3120
	Eierstock	0.0090	0.0364	0.2467	4.0535
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0155	0.0113	1.3745	0.7276
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
20	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146	
Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442	
Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078	
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0352				
Prostata-Hyperplasie	0.0446				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
20	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	10
Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289	
Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842	20
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714	25
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0178				35
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0213				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				40
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				45
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				50
Niere	0.0062				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				55
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				60
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0122				65
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0375				

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
20	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0611
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0320
	Lunge	0.0397
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0303
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0256	2.8983	0.3450
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0426	0.0100	4.2453	0.2356
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0416	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0266	0.0267	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0441	0.0379	1.1645	0.8587
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
	Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0384	0.0286	1.3427	0.7448
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0420	0.6527	1.5321
	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
20	Pankreas	0.0083	0.0718	0.1151	8.6914
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0305	0.0298	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0861
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0250
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0778
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0201
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0583

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370	5
Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334	
Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533	
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111	5
Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431	
Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946	
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duenndarm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
10	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
15	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiseroehre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
20	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
25	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.1059			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0835
	Gastrointestinal	0.0361
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0433
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0961
	Lunge	0.0867
	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0309
45	Placenta	0.1151
	Prostata	0.5984
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0544
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0466
	Gastrointestinal	0.0610
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0421
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.1474
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

65

DE 198 17 557 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004	
Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658	20
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele können die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	94.40		470	2434	
2	98.27		341	798	
3	93.44		252	882	
4	100.00		344	2901	
5	93.44		260	579	
6	96.40		244	2809	
7	98.27		230	910	
8	96.64		251	1447	
9	99.11		252	671	
10	98.27		315	803	
11	96.64		404	427	
12	99.11		240	828	
13	96.64		216	552	
14	99.11		422	901	
15	96.64		107	993	
16	95.85		325	2273	
17	99.44		242	2391	
18	97.55		442	986	
19	93.44		102	526	
20	99.11		160	1765	
21	93.44		309	746	
22	96.64		249	659	
23	98.27		271	357	
24	93.44		226	890	
25	93.37		340	651	
26	99.93		260	1256	
27	93.44		349	694	
28	96.64		337	1927	
29	93.44		212	672	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
30	100.00	unbekannt	265	269	
31	93.44	unbekannt	267	604	
32	96.64	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain	266	781	
33	99.94	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	231	304	
34	100.00	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	347	1528	
35	97.55	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA	226	499	
36	93.44	Mus musculus formin binding protein 21	251	1396	
37	100.00	Humanes Homolog zu Xenopus laevis cement gland-specific (XAG-2) protein	250	1018	
38	99.54	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein	262	808	
39	99.88	Humanes Homolog zu S; cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725	295	1139	
40	95.68	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	383	2177	Chr.17
41	99.11	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	254	402	
42	93.44	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein	194	1349	Chr.8, D8S549-D8S1733
43	93.44	unbekannt	268	3552	
44	99.76	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)	210	601	
45	99.44	Humanes Homolog zu M. musculus Tera	240	2147	
46	96.64	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	260	623	
47	95.68	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	422	781	Chr.2, D2S388-D2S2181
48	97.34	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	261	1714	Chr.10, D10S551-D10S532
49	93.44	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	280	831	
50	93.44	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1	259	744	
51	95.68	Humanes NipsNap2 Protein	358	2017	
52	95.58	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	252	856	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
53	93.42	Humanes Homolog zu B.taurus mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex	231	540	Chr.3, D3S1310-D3S1575
54	93.44	unbekannt	260	1912	
55	94.40	unbekannt	535	1962	
56	97.55	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	272	1458	
57	95.68	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	255	2188	Chr.10, D10S581-D10S210
58	99.47	Y box binding protein-1 (YB-1)	261	1548	
59	99.44	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	239	1254	
60	99.03	Trefoil factor 1	231	577	
61	99.31	thymosin beta-10	145	263	
62	92.74	SPARC/osteonectin	255	425	
63	99.11	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	257	954	
64	93.44	Mucin 5, subtype B	152	647	
65	99.88	Humanes Annexin IV	238	2213	
66	97.44	Human Xq13 3' end of PAC 92E23 containing the X inactivation transcript (XIST) gene	376	1728	
67	95.58	Human X2 box repressor	355	2878	
68	92.43	Human transcriptional coactivator PC4	269	701	
69	96.64	Human tetrapeptide repeat protein	399	817	
70	95.58	Human tax1-binding protein TXBP151	273	2686	
71	95.26	Human spermidine/spermine N1-acetyltransferase	253	827	
72	99.78	Human prothymosin alpha	242	922	
73	99.48	Human profilin	241	870	
74	100.00	Human pepsinogen C	173	1418	
75	97.31	Human p97	257	3041	
76	100.00	Human osteopontin	248	1712	
77	91.29	Human nonspecific crossreacting antigen	210	2273	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
78	95.85	Human non-histone chromosomal protein	371	1273	
79	99.31	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	249	2342	
80	92.43	Human mRNA for KIAA0332	297	1959	
81	99.05	Human mRNA for KIAA0078	454	3708	
82	99.52	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	386	3045	
83	97.71	Human major nuclear matrix protein	234	2815	
84	99.68	Human Ku (p70/p80) subunit	275	3462	
85	99.56	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	244	668	
86	97.55	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	262	671	
87	99.31	Human H3.3 histone	267	1121	
88	92.43	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)	239	1108	
89	99.11	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)	248	720	
90	98.27	Human enhancer of rudimentary homolog	241	837	
91	96.64	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)	240	498	
92	98.27	Human decay-accelerating factor mRNA	261	1077	
93	99.22	Human chromosome segregation gene homolog CAS	252	1755	
94	99.92	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	233	1545	
95	99.98	Human calmodulin	436	1133	
96	93.44	Human Bax alpha	149	791	
97	99.92	Human antileukoprotease (ALP)	252	599	
98	93.44	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	248	643	
99	96.64	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	250	860	
100	99.82	Homo sapiens mRNA for galectin-3	241	1155	
101	98.56	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	252	522	
102	98.82	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	243	1628	
103	96.64	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	243	605	
104	97.10	Homo sapiens galectin-4	230	1183	
105	99.55	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	347	2731	
106	99.95	Homo sapiens CD24 signal transducer	212	2194	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
107	99.11	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)	231	1812	
108	96.64	Histone H2B	255	890	
109	97.44	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 1	274	274	
110	99.44	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	246	2627	
111	97.55	H.sapiens TROP-2 gene	258	976	
112	99.75	H.sapiens mRNA for Icln protein	283	1427	
113	98.43	H.sapiens mRNA for BiP protein	473	2639	
114	95.68	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	242	634	
115	100.00	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	146	719	
116	95.68	H. sapiens mRNA for Sm protein G	240	494	
117	99.11	H. sapiens for glutathione peroxidase-Gl	275	1065	
118	93.42	FK506-binding protein 1	231	2744	
119	93.44	E08543 cDNA encoding novel protein produced by glioblastoma, Patent besteht	251	521	
120	96.64	CDC28 protein kinase 2	220	648	
121	96.64	B-factor, properdin	301	1842	
122	99.00	Annexin II	246	1596	
123	98.27	ADP-ribosylation factor like 1	264	1033	

DE 198 17 557 A 1

TABELLE II

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	1	124
		125
		126
		127
		128
10		129
	2	130
		131
	3	132
	4	133
15		134
	5	135
	6	136
		137
	7	138
20		139
	8	140
		141
	9	142
		143
25	10	144
		145
	11	146
		147
	12	148
30		149
	13	150
		151
		152
		153
35	14	154
	15	155
		156
		157
	16	158
40		159
		160
	17	161
		162
	18	163
45		164
	19	165
	20	166
		167
	21	168
50		169
	22	170
		171
		172
	23	173
55		174
	24	175
		176
	25	177
		178
60	26	179
	27	180
		181
	28	182
		183
65		184
	29	185
		186

DE 198 17 557 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
30	187	
	188	
31	189	5
	190	
	191	
32	192	
	193	
	194	10
	195	
	196	
33	197	
	198	
	199	15
34	200	
	201	
35	202	
	203	
	204	20
36	205	
	206	
	207	
	208	
37	209	25
38	210	
	211	
39	212	
	213	
	214	30
	215	
40	216	
41	217	
	218	
42	219	35
	220	
	221	
43	222	
	223	
	224	40
	225	
44	226	
	227	
45	228	
	229	45
	230	
	231	
	232	
46	233	
	234	50
	235	
47	236	
	237	
	238	
48	239	55
	240	
49	241	
	242	
50	243	
	244	60
	245	
52	246	
53	247	
	248	
	249	65
54	250	
	251	

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
55	252
	253
5	254
56	255
	256
57	257

10

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

15

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

20

(i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

25

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

30

35

40

45

50

55

60

65

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 257

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

DE 198 17 557 A 1

cgggatttta cccgggttta aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
 tatgggtagg tccgggtttc caacttggca aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
 ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
 5 ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
 ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
 ttttaaatat tggacatact gggttttaata cctgctttgc atattcacac atgggtcaact 360
 gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta actatatgta 420
 10 ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
 agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
 aaagcacatt tggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattagggtt caaattataa 600
 ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtctt gagtttccca ttttaaaatc 660
 taaactagac atcttaattg gtgaaagttg tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
 15 gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
 gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactggt ctgtaaaata agtgtctggc 840
 catttgggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatgggtaca tccataatca 900
 gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggg 960
 gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgtaagg 1020
 20 ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactggt tctaaatttc 1080
 ctagattgct attatttggt tgtaagttga gtattccaca gaaagtggta attatctctt 1140
 ctctcttcct ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca 1200
 ottattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc 1260
 25 tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc 1320
 acgtcatttt tagaaatggt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttta aaatattgga 1380
 catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattgggtc tcacatatac ttctaaaaga 1440
 aacttttatg ttataagagt tacttttttg ataagattta ttaatctcag ttacctacta 1500
 ttctgacatt ttaggaagga ggtaattggt tttaatgatg gataaacttg tgctgggtgt 1560
 30 ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actgggtgcta atgtctaata taattttata 1620
 tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgacccattg 1680
 ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct 1740
 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat 1800
 agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tcgtgagaga 1860
 35 caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg 1920
 tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgcctcctag ttcactttgt gtcaagagct 1980
 aaaactgtga acctaaacttt ctcttatttg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt 2040
 tcatgctcac ttcttaaaaag tcataaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt 2100
 40 gtttcctggg ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt 2160
 ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact 2220
 tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaatccaa 2280
 ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgtaggc agatgcactt ttttgataa 2340
 45 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tgggtgacaa acgggcctaa tagtccgggg 2400
 ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gacctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagacco ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgtatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
atgtgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttggt gaaaaaagtg ggcaagacat720
gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 882 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

attccaaaca tggcgggtcc actaggggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
agaccttcca gcagtacttt ggtggaagag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgtt240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttaca300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480
cagggctcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttggccac600
acattccttc ctgtggactt gacattttgg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtatTTTTTT tttgtcttta780
gcaaagttta gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttggt840
ttaaattttt gcatgacttt taataaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

actgagtgaa gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagaggg 120
tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
cctaaaatct ctatittgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
acatgaggct gatgaaatcc cagaagggtct ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360
taacacgttg ttttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420
tattcgagaa gaaactctca gggaagtgag agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttggtgatga 540
atctcataac ctaagagagg aatttatagg ctctctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
tttggtctgt aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttggtgcttc 720
tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttccct gtgccttaaa 780
tatgtgggtg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
ggaagtgtgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaag gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagtg gaactcctgc aagcacttgt 1020
tttatgttta gatggtataa atagtacac aaatattaga tggataaact ataatagctgg 1080
ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcatgttta ctattgttgt 1140
tcttaaaaaa gtcctatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
tgatgtcttc tttgcggcgg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtgag 1260
tggaataat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca 1320
aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
acattattca ggaacttaaa gatataattc cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500
tatctctggg acctcagtc atgggacaac tcaaatcaa tacgtcggag gaacaccatg 1560
ctgacatgta tagaagtgac ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt 1620
ggagaatcaa atggaaacac aggggggaaag ataatagagct tccgtccacc atctatgaag 1680
ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggtcctgt 1740
gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatatg aaatggacga aagcgtctta 1800
aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca 1860
taaattttga tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata 1920
caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt 1980
ttaaaaaatg gctttcttat atttgatatt tggaagaaa agccgtaagg tgtatgtaga 2040
ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata 2100
atctacctgt ttaaatggcc cctggttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt 2160
ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ctttttgctg gatctctgtt gatggcactc 2220
tggaattgtt tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac 2280
ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa 2340
tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta 2400
agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc 2460
tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaaga aacaaatgac 2520
aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg 2580
tgagacctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg 2640
ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt 2700
ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc 2760
tacaaaataa gtgttgttgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg 2820
tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttta 2880
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2901

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cggaagatt tcctaattct accacagcct ggctctacct taagtcttta120
ataaaagctt gactgaaggt accaagggtg gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggtaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttggtcc300
agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttcttgtaa360
aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgag gaaggatgga ttctccatt420
ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
aattagcttt gtatgttatt aatgtgtct cgtcaatgc 579

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

15

Name: 2252947 Len: 2809 Check: 1EDB

gcagggcctc	gtgccggttg	cataaatagg	ttttctcact	cttctttttt	tccttctttt	60
atccctcact	ccctccccta	aacctgctt	cagcacaatg	gactaattct	agcattctga	120
tcataaggcc	ctccattttc	ctaagtgtgt	tcaaggaatc	tttttaggaa	aaatatccag	180
attattcatc	cacttttttt	agtatctact	aacaactcct	ttttttctct	agagagttat	240
gaaggaacag	gttgtccttg	tctggagtca	agctaaacac	atgatttggt	ttatcagcag	300
ctggagcaga	agttgaaaat	gtctttctgt	gagacagtaa	tttgctactg	aagctttatg	360
gcttgtttgc	actgattact	ccaggatcca	aaaacttggt	gaaagtcact	gaaacactca	420
aggcaaatta	ctttacagcc	ctgagtgtct	gtcaccatag	tttgcataat	gaatatgaat	480
cccattgggtg	tgtgatgtag	gaaatcctgt	agttgtattt	tcttgaactg	aaatatattga	540
ctcaaaaata	ttaagactca	ttgtcatttt	tcatcttggc	attattgtgg	acaagttgac	600
atattaaatc	tctttgcttt	ctggtaagct	tagcttttaa	aatgcatttt	cccttgtcct	660
gtctttaact	agatatacat	gcttataatt	atagtgggtt	tcacagacta	taaaattgaa	720
tgtatgaaat	ttttatttat	atcagtgcct	ttaataatga	agataatttt	ggagtaatgg	780
tgctgtcttg	tagcgagtta	ttaatcatag	taagattttt	ttctcttcat	ttgctttttt	840
tgtttcatat	taacaatttt	ttttttacac	ggacacaacc	ctctgacagt	ctttccaaat	900
attaaaatca	tttgaatatg	tatgctgtga	tctgaacact	gctcaagcca	tcaagcagtc	960
ttcatacagt	ttgcattata	aatctcatt	aaattctcca	agaaaaata	agttgaagaa	1020
ttttatttcc	tgaccatgca	tcccctggat	ttctgagttt	cagttcagat	tgtagatgac	1080
aatataagct	gccttccgaa	attgtcaaca	tctgaatggt	aagtccattt	tcccatggal	1140
agaagcccgt	agttccatga	agtatggatt	accatttgta	tttttctacta	acagtaaatg	1200
tattttttctt	attaattggt	tgccttagga	atgatgaatt	acattttttt	ttccttctta	1260
ccataaacat	ctgcattcct	cagctcagcc	ttccttgat	gttggtttctt	tataaatggg	1320
tgagctgctg	atgcaggtat	tgccaagcta	acagtacaaa	tcatttttaa	gaggaagctg	1380
gcgcgtatgg	cagccgagga	gcacactctg	caggacactg	gacaagacag	taaatattca	1440
acttttaaatg	ctgattaaag	gagtataggt	aaagaatacg	taggtatata	taattgggtg	1500
gacaaatatt	cactttattt	atattttata	tattattttt	ttaatttggt	aaatactatc	1560
cagttttgta	gttgtccttg	ttgatttggt	tgatattaaa	gtattagtaa	taattgccag	1620
gaaactatca	ttagggaggg	tttagttggt	tgctgttttg	actgggaggg	atgattttaa	1680
tttagtgcta	gaaaccaatt	ttagtgactg	cacagtttat	catttgctcag	acagaaggta	1740
gctataaagc	taccctgtaa	gtcatatcaa	aaaagttcag	aggaagatta	gtaaatattt	1800
atcaataaaa	ataaacattt	tgttttttcta	atatcttaac	atatcctccc	ctttaggagg	1860
aagaacgtgc	aaaacgtgag	gagctagagc	gaatactgga	agagaataac	cgaaaaattg	1920
cagaagcaca	agccaaactg	gccgaagaac	agttgagaat	tgttgaagaa	caaagaaaga	1980
ttcatgagga	aaggatgaaa	ctagaacaag	aacgacaacg	tcaacaaaaa	gaagaacaaa	2040
aaattatcct	gggcaagggg	aagtccaggc	caaaactgtc	cttctcatta	aaaaccagg	2100
attaaattgc	aaactctgaa	ctttttacaa	agaaaaatgg	aaaaactttg	tatggtagct	2160
tcatgttgaa	gtgggttttt	gtttttgttt	ttgttttttt	aatttgtaaa	atctggaaag	2220
ttagcttggt	ctaatagggg	ctatgctctg	caattccctt	tttttttttt	ttttttcctt	2280
ccactaagtc	aaatccttat	cagatcattg	ttgtattcta	aggagtgcag	tattttttcac	2340
ctgtttggat	tctatattag	tggctctgag	aagagcagat	cacattgtaa	aactatggat	2400
ggtctgataa	ggcttttact	gacccactg	acttcagagt	tatactctgt	ttgctacatc	2460
ataatgctgg	ttttgctgac	tttttggttt	tttatatatt	tataaaaaaa	gaaaaagttg	2520
gtgattgcat	tgggaaattc	ccagggtatt	actggaccta	tgtggtgtat	tgttaaacca	2580
gtgtccttgt	gatactgttg	ctcttgatgt	tcctgatata	ggtaaggaaa	cagttgggtca	2640
actctgatac	aaagtatata	tacagttcag	tattgtctct	gttcattttg	tttttatattc	2700
attgacaaaa	tcaaaccagc	attccccatt	gtgtaataaa	atgatttttg	tgaataaagt	2760
aaagtcttaa	attcaaaaaa	aaaaaaaaaa	gaaaacaaaa	aaaaaaaaaa		2809

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tcctcgatcat ggaaagggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccccc cacacgaggg120
cttttgtatt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttggagt180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240
atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcataatgac tttataactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgggttt cctagctcca taccacacac cttaaaccctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
agaatttagg tgtgagatgt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttgggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaacacaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720
gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttgggttta aaatctggta actccatgat840
gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
aaaaaaaaa                                     910

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

15

```

gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggt ccatgccatt 240
gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtgggttcaa 420
tttaatcggt tacctttggg ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
gtttcttaat ctgacagtgg ttccagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggcccc 660
tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
tatattttct ggtgtagggg ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
attcagtgga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcca 900
ttgtacaata tgcccagggt tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
gacatatatt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
aatgaaaat tatagctaat gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtgt1200
tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat ttttttgttc agactttttc1380
caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
ttgtaaa
1447

```

20

25

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcgggcg tggtagctgc taogcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggccc atcggccttc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420
gcccgcgtcc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c                                     671

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 803 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaanaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtggtatc catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
aatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc                                     803

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 427 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
ggttctcggg cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgoga tagtggatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatccagc atggagaatg gttctgcccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttgggtga tgttgggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc                                     803

```

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 828 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

15 agcacttcca ggctggggtg tttgttttga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
   gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgttga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120
   tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
   ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacgggtcat240
20 tctcatgaag atgacaatcc atttgcagag tacatgttga tggaaaatga agaagaattc300
   aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
   atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
   atggaccaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
   gatcttgttg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tgggggtgaag540
25 tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtga tgtagcacia tttccacact600
   gtgaaggcag tattagaaga cttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
   gcattgccaa agtttttgtt agtccttgcac gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
   ctaagtaaaa agcctgggtc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
   cttggatggt ggaagaccgc caagggaag gaaccaccag gcccaagt 828

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

60 ttggtttccg ggcgaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
   tggattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120
   ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaagt180
   tagtgcttag ggttaatttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
   acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
65 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggattg aacaaaataa tatgtatttt360
   gatttactta aagtgttgtt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
   tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
   tgggaacccg acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgagga540
   cttctctaat tc 552

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

ggcacgagcg gcacgagaga atgagcggta tgaatggacg aaagcgtcctt aaagcatatt 60
tgaggaacac tttgacagac caaagggaag taacttggct ttgcttaaca taaattttga120
tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata caagtaagtc180
agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt ttaaaaatag240
gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga ccacttaatc300
actaaatatc tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata atctacctgt360
ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt ccagaagaga420
acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctggt gatggcactc tggaattggt480
tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac ttgttgggtg540
ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agagggtgtg gaggaaggaa tacattttata600
aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta agtatgttaa660
aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc tcaccaaaaca720
aggatttcag tgtaggattt tgtctttctt ggaacttaaa ggaaacaaat ggacaaagtt780
ttgaatggga aaaggcccg cgtttgttgc cacatcttcg ttgcccgttt tacattccgt840
tggtgggagc ccacatcttg cccaggcttt ttagccgggt atatggttgg aacacttcgg900
t

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

55

60

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

25

```
gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttggt120
gggttcatit ttttgaatca accacacttc attattttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaata gtcaaaaagt gtctcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcatit cggctctatc ttcaatgaag acatctgact ctaaaggcct360
gggtggatca aattgctgtt cagagggaat atacaggga atggtaatgg tagactcact420
aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggtc catagtgtcg600
gatctcataa cttccgggct gggggccggc gtcctccggg gccttccagc ccggcgtctc660
cacagcttgg gccgccgcgt cctcgccgc cccgggggtc ggctggagcg gctcggccat720
gggcggcggtg acgctctggg agcctgggtca gccgcgcaga ggccccgcac cccggggccgc780
cccgccctgcg tgtgcgcgcc ccgcccaggg ccgagatccc cctccgcaga cccgggccct840
cctcccggcc gggctggaga cccgagccca ccgatgcgt ctgcctctgg accgcgaggg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccgga agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag 993
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaatctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtgggg 120
agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaatgtgc aatgtgtcaa gtagcttggt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa tttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattggtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgatto cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gaccccttag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt tccccctcca agtttgtaac actccccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctggtct aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctagctgtta atgcactgtt gaccttcata 780
atgggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
atgcttttatt aaggctcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtatttggt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtgt taaaatggaa aacaggaaaa 1020
tgaaaaaatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt 1080
gtatagatca cacaccggct gtattttaata tgtaacattt tcacacatat taaagataca 1140
gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat 1200
ctgtctagct atctgttggg aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga 1260
attcttgtgt atgtatatat gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat 1320
atatatagat aatatataaa tatttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa 1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca 1440
taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc 1500
ttgaatctgt tcogggctgt ctgctctgtc catcaaattg gcaggctcgg aatggggcac 1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggaacac 1620
ctaagggtttt gattttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaga gtaagctaac 1680
cacagggtatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta 1740
gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt ccccgaattg gcataccacg gcgtggacag 1800
ctgatatatt acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatataca 1860
cacatgtgag tctggctggg ctggatattt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact 1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac 1980
tcatttcggt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc 2040
acttgatttg ctgggttttg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca 2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact 2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt 2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2391 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

aggcggcctc ttttcattct gcgggaccgc tctaggctgc caccacgccg gctggcccca 60
aaaacttoga tggttgtggg gcggggtcgt gacgtccttg gcgtggctgc aggggaggcc 120
gcggcgggga aaatggcgga cgggaaggcg ggagacgaga agcctgaaaa gtcgcagcga 180
gctggagccg ccggaggacc tgaagaagaa gcagaaaaac ctgtgaaaac taagactgtt 240
tcttccagta atggagggga aagttccagt cgcagcgcgtg agaagcgatc agctgaagaa 300
gaagctgccg acctcccaac aaagcctaca aagatctcca agtttggatt tgccataggt 360
agtcagacga caaagaaagc atcagccata tccatcaaac ttggatcaag taagcctaaa 420
gaaactgttc caactcttgc tccaaaaact ctttcagtag cagcagcttt taatgaagat 480
gaagatagtg aaccagagga aatgcctcca gaagcaaaga tgaggatgaa gaatattgga 540
agggatacac caacatcagc tggaccaaac tccttcaata aaggaaagca tgggttttct 600
gataaccaga agctgtggga gcgaaatata aaatctcatc ttggaaatgt ccatgacca 660
gacaattaaa tgatgttttg aaattggggg gtgggggtggg tgtaaagtta aaaggaacag 720
tttctttttt taaagaatgg tataagacta tctttggagc cgcttttttt ttctttttca 780
ttttttttaa agattgagtg gtacactaat aaatgagagt ttgaaattag aggtaattta 840
tgttttatat acagatttca agacatttgc taattttgta gtttcatgtg attagtttcc 900
aaaggttaca gataataaag aaatcagaaa tgggtacctt ttaagaattg catatttttt 960
tagacacaac tattagcaca ttaagaggga agcaaagtta ctgtctattt aaaactgcaa1020
gcagttaact ctcttaactc ccttattacc taaacttgtc tggctcccag gaacagcctt1080
atagagagag ggagtattgt attgggaaga aaatgttact gaactattga ctgaaagtaa1140
atttagataa aatacagctt ttttctttat gggcatttgt tttgtttcaa gtcatacata1200
actaggtatt gcattgctat ccgtggatag agacgcttag ctcttaaaaag attttttttt1260
tatgtaaact gttgaatatt tgaatatagtc cacttcacct taatgggtct tgtctatctt1320
cattagtctt caaagaaaaa ccatttgcta ccaaagtaaa tcagtatttt gaatgtgctt1380
ctcttggttt ttgtttatta gctagtccct gtaagcattt ccaccagaac ttgaggcaaa1440
tcgtaaggaa gctgtttctt ttaaaacaca aaccaccacc aaaaatttaa atgtacatat1500
tgcttaagta tttggctgtt tttatttttt aaaagggtata aacaccaaaa aaaaaattaa1560
cattgtatga agatggaaaa taagaagatg cactttctgt aactttgtct aaggatttaa1620
attactaact tatgaactcc aatttgaatt gaacttaact atcggctttc ttactggtaa1680
aattatatgg tttattttaa atgcgtacat attgaccaat ggcctctgaa aaagcacatt1740
ttagatactg aaattgaagg aaagaaaatg catcttcaaa cattttttgg aatctcacca1800
catatacttt gttagatttg tgtattgtag ggtgtttgtt ttgtattttt gtattgtata1860
tgaacttttt ttaaatgtga cagttaaaca catctttaa agcatagtca cagacaaaag1920
catacagtat aaaaatttcc ttgaaaactc ctacaatatt atatttggag gcagcttcag1980
actgttttat tgggtgtagc tgcttgctga ggtcttttag ttggtaataa ctccagagaa2040
gcagcctgtg tatattccta acactttgtt cactagcatt taagttttaga ataagcccaa2100
gtaagacaat ggaaatgtat atagaactct tagttcttac atgatttaat tatatcgata2160
catgaattta acttacttta atgtaggcaa actatcaatt ttttgtccat tttcctgttt2220
gttaaaataa catacctctc ctacgtatta ttttcttgac ccaaatgaaa tattaacct2280
aggtcaagct gggagagaga aatgactgag atgaatgtct ttactaaagt accaataaat2340
ttgtcaaact caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa gtaaggggag g 2391

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 986 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

25

```

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggatacttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtgttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatggtt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tattttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttggagaa tactcagttc720
caacttgtga ttcttgatag aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
agaggaatcc cagcgccttt taaaagttgt tatgtgggtt tcttttataaa agctcctggt840
tttggaaggt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga                                     986

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 526 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

15  gcgctctatat tacatattatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaat 60
    ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
    gcacagaaca aattattttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
    ctttatagaa acttcattttt gctaagttag caaccattca ttttttttgt tactcttcat240
    gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatatc300
    caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaagcg360
    tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtgg aacgggatga tacctaaaaa420
20  gaaaaaagag ttaatcacct ctctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgacttctc480
    ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```

55  tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttggtc aaataataat 60
    ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
    gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
    ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcata gctatgcata 240
60  acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
    agccagtcac gataatttatt taatttgttg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
    aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tggttttttgc 420
    ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
    tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
65  tttgcctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
    aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtg ccgaggagggt gtccatttct taaaggcttt 660
    acgtcgtggg gggctaagag cttcttttgt atatttgctg gaaaaataca ggcttggttt 720

```

```

ccttctttct atctgtgttc gtgggatggg atcttcagtg aagtccttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaa atgtctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaagggtat cctcatactt 900
ctogttgtgt tctgagtctt tggctgaaca aaatttggtt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt 1020
ttcttcactg gtcacactga gggctctcac acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt 1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac 1140
agattctctt ttgctatcac tttgaacaaa acctgaacag ctcttcctac atcctttttt 1200
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt 1260
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaa atgag tggagtaaa 1320
gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc 1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcctgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggttttgtag 1440
atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga 1500
aagtacagta aaatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata 1560
attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatattaa 1620
aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat 1680
ttctaattaa ttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga 1740
taa atggcac ttttaaatgg tttcc

```

5

10

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```

gttttttttt gttttcttta aatttggtat tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta tttattccaa tgcaaatgtt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa 120
aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc 180
ctttcagctg ctccacacaa cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt 240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaacct tctgtgttct aggaacacaa 300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct 360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatt gcagagttta 420
aaaaacaata taagactgtg gtaaggatca aacgcaaatg caatttgctg tgactaattt 480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tgttctttct ttcttgccac aagacagggg 540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac 600
tctcaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata 660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt 720
tgctaaatta ctaaaataat agccgc

```

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 659 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tggtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccocagga aaaccttttg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatgggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatactcttg atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: .

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
 tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcgc 120
 cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat 180
 atctccattt catgatattc caattttatgc agataaggta aggcattcctt gtttttggac 240
 acagtctctt tactcagatc agctagtctt acatatgaat tttcttataat gtctctcaac 300
 aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gttaaaggctt gttgattagg ctgggcg 357

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

50

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttcgggt 120
 gcgggogaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggt ttctagggtt gttacgaagc 180
 tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240
 cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300
 aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg 360
 gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420
 gttgggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480
 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcctt ttcattttac actttgttac 540
 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcacca ttcttagcta agttcttaaa 600
 attaaaccct ttgggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660
 aatataaaaag catttgtact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720
 tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa 780
 taaggggaag gtttttatgg aattttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg 840
 ttttgagagg aggggggccc aagggtgttc tggggtttgc cgagggaggc 890

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 651 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtggtgcggc ttataagcg ggcgctacgc 60
 35 cacctcgagt cgtggtgagt ccagagagac aaataccgat actttgcttg ttgatgaga120
 gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccacca gctgctgaag180
 gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
 cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
 gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
 40 aagaaactgc ggagggaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
 cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaagggtga ttgccccca480
 ctgtggtggt atattgtgac cagacccgg gagcggcca ttagaaaga gagagacctc540
 atctttcatg cttgcaagt aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
 45 agtgaaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga	attcggctcg	agctttcatc	tgaccatcca	tatccaatgt	tctcatttaa	60	
acattaccca	gcatcattgt	ttataatcag	aaactctggg	ccttctgtct	ggtggcactt	120	15
agagtctttt	gtgccataat	gcagcagtat	ggagggagga	ttttatggag	aaatggggat	180	
agtcttcatg	accacaaata	aataaaggaa	aactaagctg	cattgtgggt	tttgaaaagg	240	
ttattatact	tcttaacaat	tcttttttca	gggacttttc	tagctgtatg	actgttactt	300	
aaactatcta	aaatagagca	ttttgggtatc	tttcatctga	ccatccatat	ccaatgttct	360	
catttaaaca	ttacccagca	tcattgttta	taatcagaaa	ctctgggtcct	tctgtctggg	420	20
ggcacttaga	gtcttttgtg	ccataatgca	gcagtatgga	gggaggattt	tatggagaaa	480	
tggggatagt	cttcatgacc	acaaataaat	aaaggaaaac	taagctgcat	tgtgggtttt	540	
gaaaagggtta	ttatacttct	taacaattct	ttttttcagg	gacttttcta	gctgtatgac	600	
tgttacttga	ccttctttga	aaagcattcc	caaaatgctc	tatttttagat	agattaacat	660	25
taaccaacat	aatttttttt	agatcgagtc	agcataaatt	tctaagtcag	cctctagtcg	720	
tggttcatct	ctttcacctg	catttttattt	gggtgtttgtc	tgaagaaagg	aaagaggaaa	780	
gcaaatacga	attgtactat	ttgtacccaa	tctttgggat	tcattggcaa	ataatttcag	840	
tgtgggtgat	tattaaatag	aaaaaaaaaa	ttttgtttcc	taggttgaag	gtctaattga	900	
tacgtttgac	ttatgatgac	cattttatgca	ctttcaaagt	aatttgcttt	caaaataaat	960	30
gaagagcagc	tgtccttctt	tcctctttta	agtgttcagc	tgtggcatgc	tcagagggttc	1020	
ctgctggatt	ccagctggag	cggtgtgata	cccttctttt	tcagctgttc	gtgccttcctt	1080	
ttcttgtatc	caccaaagtg	gagacaaata	catgatctca	aagatacaca	gtacctactt	1140	
aattccagct	gatgggagac	caaagaattt	gcaagtggat	ggtttgggtat	cactgtaaat	1200	
aaaaagaggg	cctgggaatt	cttgcgattc	catctctaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaa	1256	35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggtctc gcgatafctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagttag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagaggctcg180
5 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaaggt gcttaggaag ttgaaaggcc240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtctg ggattcggac ggagagcgcg360
aggactcggc ggctgagcgc gcccgacagc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc420
10 gcatcgcgat gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgcact gaccgtgact480
gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccgggaca ccacatcggt tccattgagg600
tgcagaggga gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694
15

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```

gcgagtatTTt atttttttttt tttttttttt acagaaattg acctttatTTt gttgtactaa 60
agcctgtTTta actttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
cagcccctac ccccagaggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
tagttttgtct gagctagaaa acttgtagct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
acttgctctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc ctttttttaa aaacatcagt 360
tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
ctcgctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaataa taggtcctac cccaacgaca 480
cttacacaga gccagtaga gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
acatcaaata ttcagccaga catatctagc ctcaagaagt caaaaaaaaa aaaagcccc 600
aaacgaagac acccacactg agtaggggtg atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttccoctaa 720
aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgtttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
tgccacctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcaactgat aaggctgtca 840
cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
gacccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga1020
gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg1080
65

```



```

ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtcccttccag gagaggtgcc1140
accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagcaa1200
agcagccccc attgagggttc caaggctcgtt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260
aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaagggttc1380
tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt1440
gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct1500
ggatcgcacg cagccgtggc cctctgtcta caaaggagg gcttctgggt cctgggtccg1560
gatccttccc ccgcatgttc atagaaggac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag1620
ctgagtctgg tgtcccctca ggcggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680
gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat1740
ctgagtgcaa atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agccccccag1800
acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtac agcttgcaact1860
ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgctccat cccacctga1920
ctctcct
1927

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 672 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gcctttttat tttttttttt tggctggttat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
agggtacag cgctgctttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcaccatca tgggaaacac cttccctttt240
cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggtc taagggtgcca agaagtctca360
ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac tttcggaatc gccaaagtcaa aacttttctaa420
cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgcttttagt ggcaactaca480
gaaaactggt gttaccacaga aaaacaggag caattagaaa tgggtccaat atttcaaagc540
tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttctcttt cctttctctt600
tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
ctcagagggt gc
672

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```
ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgccg cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg ggggtgaaca ctcactctga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 604 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

```

tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc ccccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggccagaa120
tggctacaac agtccttgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttgtga240
cctcgggtggc cttcatgctc actctcccga tcctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tcctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360
tcaccttcgc cttcatcatc ggactggacg ggagcacagg gcccacagc ttcttcctct420
ttgggatcct cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt
604

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

```

ctttaatgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120
gttctaatac tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaatca180
tgggtcaaac tattgagtcg tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggg tctggcaggg420
gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
gcaggtttca ccctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggta tgcgtgcagc600
aagcttggca tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gaccctcttc660
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
tggctgtgct gcgtgttggg ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
c
781

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
gtgg                                     304
    
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

aattcggatc	catggggccac	agtggatggc	ttgaaatgtg	gctgagcget	tccgacactt	60	
cggatccatg	gtggccaccc	caagacgcgc	cccagcccgc	catggcccgg	atcctccggg	120	
atcctgcctt	ctgtccctgc	tcctggccgg	gtttgttccg	ccgggcccgg	gacaagagaa	180	
gtctaagaca	gactgccatg	gcggtatgag	tggtaccatc	tacgagtatg	gagccctcac	240	5
catcgatggg	gaggaatata	ttccttttaa	gcagtatgca	ggcaaatata	tcctctttgt	300	
caacgtagcc	agctactgag	gtctgacaga	ccaatacctt	gaactgaatg	cactacaaga	360	
agaacttggg	ccatttggct	tggtcattct	gggcttccct	tccaaccaat	ttggcaaaca	420	
ggagccaggc	gagaactcgg	agatactccc	cagtctcaag	tatgttcgac	cagggtgggg	480	
ctttgtgcct	aatttccagc	tctttgagaa	aggagatgtg	aacggggaga	aagagcagaa	540	10
attctacact	tcctgaaga	actcctgccc	tcccactgca	gaactcctgg	gctcacctgg	600	
ccgcctcttt	tgggaaccca	tgaagatcca	tgacatccgc	tggaaacttg	agaagtccct	660	
ggtggggcca	gatggcatac	cggttatgog	ctggtaccac	cggaccacag	tcagcaacgt	720	
caagatggac	atcctgtctt	acatgaggcg	gcaggcagcc	ctgagcgcca	gggggaagta	780	
actgatgccc	ccaccctacc	cctaccccct	gcccacatg	caagggccga	ggaggggctc	840	15
ttcaggaagg	aagccacatt	cccagtcatt	ctaccccac	cccagattct	ctttcttatt	900	
acataaaaga	caagcctggc	acaactgtgt	gtctgaacca	ctgtggacac	gtgacaattg	960	
tcccagtgtg	tgcattggct	cacagccacg	tatctgcctg	cttgaaaccc	agggatgggtc	1020	
catctgtgtt	tacggcttgg	cacaacaccc	tcataatttt	ttcagctttc	tggtccaaat	1080	
gagcccaaag	gaaacacaag	ttctaggtcc	aatgggttctg	ctcaaacctg	aacatcattc	1140	20
ttggggccag	catctcccac	atgcccacac	tacacaccac	cagcctcctt	cttccttccct	1200	
gaaggaccct	cctgagcccc	caagcccac	ccacagtgt	cctgagacca	gccaagacaa	1260	
ctgtgagcgc	gatggccgtg	taccccaggt	caggggtggt	gtctctatga	aggagggggcc	1320	
cgaagccctt	gtgggcgggc	ctcccctgag	cccgctctgtg	gtgccagccc	ttagtgcat	1380	
caggcttagg	ctcccaggca	gggacactac	ccccgcgcct	ctggaggaca	tgctatcctc	1440	25
tcactctgtc	cactggtatc	tcaacacccc	catctgcccc	gtaaagggtct	ttctgcagca	1500	
aaaaaaaaa	agaaaaaaaa	aaaaaaaaa				1528	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 499 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

ggcaggtctc	agcgtctctc	cccctgctcc	gctcctctgc	agggcccagg	cgcccttggc	60	
cttaggaccc	aacttctctt	accgccatgg	agttogacct	gggagcagcc	ctggagccca	120	
cctcccagaa	gcccgggtgtg	ggggcgggcc	acgggggaga	tcccaagctc	agtccccaca	180	
aagttcaggg	ccggtcggag	gcaggggcag	gtccgggtcc	aaagcaagga	caccacagct	240	
cttccgactc	cagcagcagc	tccagcgatt	cggacacgga	tgtgaagtcc	cacgctgctg	300	
gctccaagca	gcacgagagc	atcccgggca	aggccaagaa	gccc aaagtg	aagaagaagg	360	65
agaagggcaa	gaaggagaag	ggcaagaaga	aggaggctcc	ccactgaagg	gccctggaca	420	
gggctcatta	aaacttctct	tctgcctacg	agtaaccaac	acctggagct	aagatgctta	480	
ggtggggggg	ggccgcgga					499	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1396 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

35 gggcaccggt tagttgggaa cagcgggaacg ctggtcccgg ggactgagta aggtgtctgg 60
 atcggaggga ggttcggggtg ggcacgcggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgcctggg 120
 aaagcgcgag tctgagtggg accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcatggcg 180
 gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgctg gatagcagac 240
 aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
 aggatcagtg agattaacaa gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
 40 aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
 cttggccttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
 cctacctcga catcaaatac acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccctc 540
 aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
 ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
 45 agtgaagacc gtttgggtag aaggtttaag tgaagatggg tttaacctatt actataatac 720
 agaaacagga gaatccagat gggagaaaacc tgatgatctt attccacaca ctagtgatct 780
 gccttctagt aaggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
 ttgcgatagt gattctgatg gggaaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
 agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaat agtgatggag gaagtgacct 960
 50 agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
 atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
 tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
 ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtggtatct aaagaaaaaa cagtcacttc1200
 55 tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
 ggaaaatctt aggaaaattt aagggcaacg aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag1320
 cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga cttttttgcca cccccaagt1380
 ttgtcccgtg ttttgt 1396

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1018 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

caagtaaattg cagcactagt ggggtgggatt gaggcctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
tcagctgtgc tggcacactc agaagcttga cgcacatccta gccgccgact cacacaaggc 120
aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg gagaaaattc cagtgtcagc attcttgctc 180
cttggtggccc tctcctacac tctggccaga gataccacag tcaaacctgg agccaaaaag 240
gacacaaagg actctcgacc caaactgccc cagaccctct ccagagggtg gggtgacca 300
ctcatctgga ctacagacata tgaagaagct ctatataaat ccaagacaag caacaaaccc 360
ttgatgatta ttcatacactt ggatgagtgc ccacacagtc aagctttaaa gaaagtgttt 420
gctgaaaata aagaaatcca gaaattggca gagcagtttg tcctcctcaa tctggtttat 480
gaaacaactg acaaacacct ttctcctgat ggccagtatg tcccaggat tatgtttgtt 540
gacccatctc tgacagttag agccgatatc actggaagat attcaaaccg tctctatgct 600
tacgaacctg cagatacagc tctgttgctt gacaacatga agaaagctct caagttgctg 660
aagactgaat tgtaaagaaa aaaaatctcc aagcccttct gtctgtcagg ccttgagact 720
tgaaaccaga agaagtgtga gaagactggc tagtgtggaa gcatagtga cacttgatt 780
aggttatggg ttaatgttac aacaactatt ttttaagaaa aacaagtttt agaaatttgg 840
tttcaagtgt acatgtgtga aaacaatatt gtatactacc atagttagcc atgattttct 900
aaaaaaaaaa ataatgtttt tgggggtgtt ctgttttctc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaattgcccc caaggggacg gggttacaatt ggggggacg 1018

```

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cctctgtcca ctgcttttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
ttggagtcct tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca120
acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg180
20 ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg240
ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca300
tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac360
caggaggacc acctcccaag ggctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc420
tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg480
25 aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac540
tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacgggtgga gaactaaaca atttttttaa600
gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtggtt660
tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa720
30 taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc780
aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga 808

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60
gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120

```

tttttttttt	tttttttttt	ttttttgcag	caatacctcc	tttatttgat	ccctgtttat	60	
gtccacatat	gtactgtatt	atcacagatg	caactgattt	atcatagagc	actcagaaaa	120	
catggaaaag	tatttttaaa	aatcgaataa	tcctattcaa	gtcaaccagt	gttaaccccg	180	
gtgtgcttcc	tgccagtctg	ttcctcccca	tgggagtcac	acaaaatgaa	aatctcctag	240	5
aaagagaaat	tcctctgtcc	tctgacttct	tcacttagta	cgctgcgacc	ttcccatgtt	300	
gttcaacatc	ctcaactcgg	agcgtcactg	gctggagggtg	gtctataaat	ggaattggct	360	
taactatctc	ttcactgaaa	ggtggacatt	tagggagtgt	ccagttttca	gctgtcataa	420	
acaactgcct	tagacggcaa	agaattcaca	ggtcaatcgt	tcccttogct	ttgaacttct	480	
tcgcagaccg	ttcacttgac	cgaagctgga	atttgctccc	gtaaagttag	gaaataaagc	540	10
catcggtttc	cacagtgaac	acgcagttta	gcttggggat	aactttcagg	cggtcttctt	600	
tgggtgataat	tttgaaaatg	tgctttgttt	cctgtagaag	gattcctgta	ataccacat	660	
aagaggggca	tttggatttt	gtcactgaaa	taatagcccc	gtgaagatct	gcctttaaga	720	
gcttggcctg	aatcatctgt	ggctgcgtgt	ctggcttgag	cccactgcac	aggtccctga	780	
tgtactgttt	ccagagttca	tggagaggga	ggaaaaggct	gtatctctgc	tgctctgggt	840	15
taatgtcaaa	gagccgcagc	tccttccttt	gcctggcaga	gaagcctttg	gctttcttct	900	
tcttctcctt	gcgcttggtg	cgggtgaagt	actccaggac	caccgccttg	cgctgcagct	960	
ggtcctcgcg	ggcctgcggg	ctcatgcggg	gcgtctgcgc	ttcaggaagg	ccctcacgaa	1020	
ggcctcggcc	cgctgtgctc	ctgaaggctg	gacatcgag	tcattcgctt	ctttctgaga	1080	20
caatgcatgg	tagatcacac	tcttcattct	cggaccgctt	ccggcgctct	ctgatgacg	1139	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gcccacgcgt	ccggtcgccg	ccggcagcga	acagcagcag	cagtcagcct	tcattcagga	60	
aagacagcca	gttgctctca	tgcgtttatt	gtctttcaat	gtgcctcata	ttaaaaacag	120	55
cacaggagaa	ccaatatgga	aggtactcat	ttatgacaga	tttggccaag	atataatctc	180	
tcctctgcta	tctgtgaagg	agctaagaga	catgggaatc	actctgcata	tgcttttaca	240	
ctctgatoga	gacctaattc	cagatgttcc	tgcagtatac	tttgtaatgc	caactgaaga	300	
aaatattgac	agaatgtgcc	aggatcttcg	aaatcaacta	tatgaatcat	attattttaa	360	60
ttttattttct	gctattttcaa	gaagttaaact	ggaagatatt	gcaaatagcag	cgttagcagc	420	
tagtgcagta	acacaagtag	ccaagggtttt	tgaccaatat	ctcaatttta	ttacttttga	480	
agatgatatg	tttgtattat	gtaatcaaaa	taaggagctt	gtttcataatc	gtgccattaa	540	
caggccagat	atcacagaca	cggaaatgga	aactgttatg	gacactatag	ttgacagcct	600	
cttctgcctt	tttgttactc	tgggtgctgt	tcctataaatc	agatgttcaa	gaggaacagc	660	65
agcagaaatg	gtagcagtga	aactagacaa	gaaacttcga	gaaaatctaa	gagatgcaag	720	
aaacagtctt	tttacagggtg	atacacttgg	agctggccaa	ttcagcttcc	agaggccctt	780	
attagtcctt	gttgacagaa	acatagattt	ggcaactcct	ttacatcata	cttgacata	840	

```

tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccattttaaac agggttaatt tggaagaatc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtgc tagaccaaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
tgattttaact ccggttgata aatttttgga aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
5 tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080
acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctga1140
caataaccgct aagctaacat cagctgttag ttcttttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
10 attggatgta tatttttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggttgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
15 gggctctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
cctgggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac ccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtggtggg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
20 acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
acaacttgga caaaagtaac acagaagaac ctactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaagttaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
25 tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
tacacggata atatcgc 2177

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

60 ggcgccaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggttaaatcg ccctggcctt ggctgccctc cttgttgttg acagggaagt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgcc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
65 tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
cagctctgct tggcccggat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tgagagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttctttttgc catcccathtt ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
taaaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aaggggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcctgaa ggggtgtaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaattaga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaactacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
gaatcgacag tttgcacaac gtgctatat ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagttaggca gattttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcga aactgatggc ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgcga 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagtgt atcaaaatat 720
tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatac ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttggttg cttcctcttc 1020
atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg 1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa 1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgcctgatgt tgtggtccta tccgttccag 1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc acctttgaga tttttcctgt catttatgat 1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg 1320
cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc
1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

25
 atttaaatctt cattcttcta ctatcccca tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
 acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcatt attagcctct 120
 tacccttatt aatatctttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
 30 tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaaata gcttcaaaac tgactttttc tctatcctgt 240
 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattataca attctcttca tgatatatac 300
 actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
 ttatcctcac ctccagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
 ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
 35 tacaagcaat cctctataac cgcacgagag acatcggatt catcttagct atagtgtgat 540
 ttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
 atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
 tccacccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
 40 caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactgggtcg attccacccc ctcacgacta 780
 ataataactt tatcttaaca actatacttt gcctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
 ctatttgtgc tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
 aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
 tctgtaccca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata 1020
 45 gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaacat cacaaaaatc ataccattca 1080
 catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggg 1140
 tctactcaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc 1200
 tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact 1260
 tctgaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaatttc cattaacgaa aatgacccag 1320
 50 acctcataaa cccaatcaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct 1380
 catataatat tccaccaacc agcattccag tcttcacaat accatgattt ttaaaaacca 1440
 cagccctaatt tatctcagta ttaggattcc taatcgcact agaactaaac aacctaacca 1500
 taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctggggtttt 1560
 55 tcccatctat tattcaccgc attacaccca taaaatctct caacctaaag ctaaaaacat 1620
 ccctaactct cctagacttg atctgggttag aaaaaacat ccctaaatcc acctcaactc 1680
 ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta 1740
 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat 1800
 ctcgataata ataaaaatac ccgcaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt 1860
 60 agcacacta tatattgccg ctaccccaat cctccttcc aacataactc caacatcatc 1920
 aacctcatal atcaaccaat ctcccaaacc atcaagatta attactcaa cttcatcata 1980
 ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa 2040
 aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata 2100
 tccaaacaca accaaccatc ccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga 2160
 65 tccaccaaac cctaaaacca ttaacaacc aacaaacca ctaacaatta aacctaaacc 2220
 tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa cccaagacaa ccaacaaaaa ataataga 2280
 taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat 2340

```

gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgcccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttggggtcc cttctaggag tctgcctaata agtccaaatc attacagggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgctcgaga cgtaaattac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggccttct2880
cagtagacaa agccaccttg acccgattct tgcctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcgtt cacctcctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactatata atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaaac tacataaccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
aaccggaatg atattttccta ttgcatagc ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gagggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaataact ttcttccata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaaa acgatcgggt3540
gacatatagg gc                                     3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

ttttttttttt ttttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgccctggcac agcattttct atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
gaatggcagt cgcagggtta tttcaaagt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgctggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatccag ttgggtcaaag actgagttta gtaggtcaat480
gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggta600
a                                     601

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
tgatcttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagaccgc gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tgggtcttaa tgaccctctt atttttaact 300
tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg gggttgatttc 360
ccccactccc acaaactctg aagccagtgt ctagcttact aaaaaaagag ttgtatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaata gaataactag gggaatttca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttggttt ccctcatgat aataaatttg 660
tcataactca gtaacatgaa cttgccccca gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
acttgactat atatgttgca tcctgtgcct cccttcatat taatatattg taaagatttt 900
aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
aggataggca agaccctgta tgaatagtag caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaa 1080
aacaaggggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaaggt ttttatctgt gtagaatggg 1260
tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattgccagt tcagtctttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt 1560
gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaatttg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740

```

65


```

actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag1800
ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat1860
tggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtatttatt tatttattac1920
tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgcctgt aggatgtact1980
gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt2040
ttatactgtt ggatacttat aatcaaaact ttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

```

5

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 623 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

```

cccacgcgtc cccggaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
gctccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tgttcgggcg ccggaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcy ggagctggac240
cgcgagcgac agaaactaga gaccacaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttgggt gcgcacccgg360
cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
ccgtggggtt tggggaagtt tta 623

```

45

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtctca tggggatgaa gaaccagctc180
25 gcggctcttg gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgatgaa ggccatgcaa240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga480
30 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctacccgc tgggtgtgca cacactcctc600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt660
tggaagaagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgcccag gttttgggat cgcaaaggga720
35 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcatTTTT aggaaaaaaa aaaaaaaaaa780
a
781

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
60 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

gttgcgacat	gcagtgcgcc	ggaggaactg	tgctctttga	ggccgacgct	aggggcccgg	60	
aagggaaact	gcgaggcgaa	ggtgaccggg	gaccgagcat	ttcagatctg	ctcggtagac	120	
ctgggtgcacc	accaccatgt	tggctgcaag	gctgggtgtgt	ctccggacac	taccttctag	180	
ggttttccac	ccagctttca	ccaaggcctc	ccctgttgtg	aagaattcca	tcacgaagaa	240	5
tcaatggctg	ttaacaccta	gcagggaata	tgccaccaaa	acaagaattg	ggatccggcg	300	
tgggagaact	ggccaagaac	tcaaagaggc	agcattggaa	ccatcgatgg	aaaaaatatt	360	
taaaattgat	cagatgggaa	gatggtttgt	tgctggaggg	gctgctgttg	gtcttggagc	420	
attgtgctac	tatggcttgg	gactgtctaa	tgagattgga	gctattgaaa	aggctgtaat	480	10
ttggcctcag	tatgtcaagg	atagaattca	ttccacctat	atgtacttag	cagggagtat	540	
tggtttaaca	gctttgtctg	ccatagcaat	cagcagaacg	cctgttctca	tgaacttcat	600	
gatgagaggc	tcttgggtga	caattggtgt	gacctttgca	gccatggttg	gagctggaat	660	
gctggtacga	tcaataccat	atgaccagag	cccaggccca	aagcatcttg	cttggttgct	720	
acattctggg	gtgatgggtg	cagtgggtggc	tcctctgaca	atattagggg	gtcctcttct	780	15
catcagagct	gcatggtaca	cagctggcat	tgtgggaggg	ctctccactg	tggccatgtg	840	
tgcgcccagt	gaaaagtttc	tgaacatggg	tgccccctg	ggagtggggc	tgggtctcgt	900	
ctttgtgtcc	tcattgggat	ctatgtttct	tccacctacc	accgtggctg	gtgccactct	960	
ttactcagtg	gcaatgtacg	gtggattagt	tcttttcagc	atgttccttc	tgtatgatac	1020	
ccagaaagta	atcaagcgtg	cagaagtatc	accaatgtat	ggagttcaaa	aatatgatcc	1080	20
cattaactcg	atgctgagta	tctacatgga	tacattaaat	atatttatgc	gagttgcaac	1140	
tatgctggca	actggaggca	acagaaagaa	atgaagtgac	tcagcttctg	gcttctctgc	1200	
tacatcaaata	atcttgttta	atggggcaga	tatgcattaa	atagtttgta	caagcagctt	1260	
tcgttgaagt	ttagaagata	agaaacatgt	catcatattt	aaatgttccg	gtaatgtgat	1320	25
gcctcaggtc	tgccctttttt	tctggagaat	aaatgcagta	atcctctccc	aaataagcac	1380	
acacattttc	aattctcatg	tttgagtgat	tttaaaatgt	tttgggtgaat	gtgaaaacta	1440	
aagtttgtgt	catgagaatg	taagtctttt	ttctacttta	aaatttagta	ggttcactga	1500	
gtaactaaaa	tttagcaaac	ctgtgtttgc	atattttttt	ggagtgcaga	atattgtaat	1560	
taatgtcata	agtgatttgg	agctttggta	aagggaccag	agagaaggag	tcacctgcag	1620	30
tcttttgttt	ttttaaatat	ttaggaactt	agcacctggg	gttatttgga	ttaggtgagg	1680	
gagcccggta	ggaacagccg	ggtattgggg	aaca			1714	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

caccocccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggcg agtctccacg 60
tgggtaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgccgc cggaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
5  gcctcggagc tgaagcccgat actcaagatg gcggctccgg gcgggcggtg ccagtgacta240
gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggcgcgggac gagcggagtc cagaggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360
agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caaggttttg ggcatgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
10  tgttatatatt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgc540
aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggg ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
ctcctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
15  agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
gttcaaaccg gggtttggtg aaccggggga acccattgcg ccttgggaat t 831

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

50  tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggtaaagc acaggcaaca ccacttccgc300
55  gtttctcttg cgccctgggc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
atcccgggtgc tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgg ttggaaaatg ctggtatatc540
60  catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcctatcac atatactact600
actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
gggagagcat caggaagagt agct 744

```

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

Name: G1753634	Len: 2017	Check: 8BA	30			
tgcgacccga	ggcgccgagc	aagatggcgg	cgcgagtgc	gcgcgcccgc	ggaggcgctg	60
ggcgggcggc	ctcctgcagc	ggcgggcccc	ctgcagcctc	ctgcccaggc	tccggacatg	120
gacatcttcc	agcaacagat	ctcgagaaga	cagctggcta	aaatccttat	ttgtccggaa	180
agttgatcca	agaaaagatg	cccactccaa	tctcctagcc	aaaaaggaaa	caagcaatct	240
atacaaatta	cagtttcaca	atgttaaacc	ggaatgccta	gaagcataca	acaaaatttg	300
tcaagaggtg	ttgccaaaga	ttcacgaaga	taaacactac	ccttggtactt	tgggtggggac	360
ttggaacacg	tgggtatggc	agcaggacca	agctgtccac	ctctggagg	atgaaggagg	420
ctatccagcc	ctcacagaag	tcatgaataa	actcagagaa	aataaggaat	ttttggaatt	480
tcgtaaggca	agaagtgaca	tgcttctctc	caggaagaat	cagctcctgt	tggagttcag	540
tttctggaat	gagcctgtgc	caagatccgg	acctaataa	tatgaactca	ggtcttacca	600
actccgacca	ggaaccatga	ttgaatgggg	caattactgg	gctcgtgcaa	tccgcttcag	660
acaggatggt	aacgaagccg	tccgaggatt	cttctctcag	attgggcagc	tgtacatggt	720
gcaccatctt	tgggcttaca	gggatcttca	gaccagggaa	gacatacga	atgcagcatg	780
gcacaaacat	ggctgggagg	aattggtata	ttacacagtt	ccacttattc	aggaaatgga	840
atccagaatc	atgatccac	tgaagacctc	gcccctccag	taaagctgta	gagtttctat	900
gtgcctacat	acatttctgt	gacaagtatt	tgtcgtaaat	taattttaat	tgtgtatcaa	960
gtgaaaaaga	aacactgagg	ttttaagctg	ctgtatatag	cttgtgagaa	acctcttttc	1020
tttaaaattt	acataatcac	aagaaaggaa	agaattacag	ttggactgat	tgtgacagt	1080
ccttgctcgtc	ctctttgaaa	caccccggtg	tgtccagtat	accttataac	acttagccac	1140
ttctccccac	cctccagaag	gggtccacgt	tgaattctga	atcatcttga	aaataagatt	1200
ccaaccacaa	aaaaaattta	gccatttctt	tactaaaaaa	aaccacaaaa	caaactctgt	1260
ttataatcac	agatttttag	acaaatttct	tgtatcagga	agaaatacaa	attttgtcat	1320
gtttctcaag	cagtttttct	gagtagtttc	tgaggaggaa	caaattacaa	gtgtacccaa	1380
taactgaaaa	tgtttttaact	cactctcatt	tgtaagcagt	ccacatagta	gacaatgggt	1440
tttccaagct	gggcaaggta	catttaatac	gtaaatcagt	ttcacatcat	gtattgtgat	1500
gtttcaatgt	gagacacaaa	aacaatggct	tgaacttgt	gtatcataat	tgattttgaa	1560
atgaacacct	tgaatagcac	taatttttat	ttgtgggtatt	tttctataac	aaaacaagta	1620
gctctaggaa	aagaggtttt	attttgtaaa	cgatcatttg	tgacctcaga	cactctctgg	1680
ctaataattt	aataagctca	cagcagataa	ttctgagatc	atgggtgagg	ggtggtgcat	1740
gttgagattt	aaattggcat	aaagctgcat	actttttgtc	tagctgtttg	atttcatttt	1800
ttaatatagt	atgccaat	tgtgactgtt	accatgtgaa	agtcctgttg	aaatgaacaa	1860
ttgtctgccc	cacaatcaag	aatgtatgtg	taaagtgtga	ataaatctca	tatcaaagt	1920
caaactttta	catgtgaatg	attttctcaa	agaacataga	aaagtcaata	aaatcctctt	1980
aatttccaca	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaa			2017

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcgggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccatit catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
agtaccacgc tggctctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttggtcc cgtataaagg360
atatactctgg aactatgggtg ccatccctca gacttgggaa gaccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttgtgggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataagggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctt ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaagaagc actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
gcccctcaaa gtgtgc 856

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 540 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

15

```

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagatgt 60
cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccagccg120
aatacaacat atctccggaa acccggcggg cgcaagcgag cggttggcca taagagccca180
gctgaaacga gagtacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
tcctgccttg cttcgttggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360
ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
tcgaacatth cactctcat attaatgtct gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

```

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
acottatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcata aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420

```

65

```

aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag ccccatTTtca gcattagccc 480
caactgggaa ggaagaaggc cttagcacc cgcctcttggc tctgggtggtt ttgttcttta 540
tcgttgggtg aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaa at 600
5 tggattggtg gatccaccat atcatgggat tttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacagggtc tgccttttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaatgtat 780
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
10 tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagcccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccc cgtggcccac 1020
tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttggggac 1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaa tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc 1140
15 ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc 1200
ttgttcactt aaagggaaca agctaaattt gtattgggtc atgtagtga gtcaaactgt 1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt 1320
attgtcacia gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat 1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtgggg 1440
20 tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgttt ttctgggtca gtaaataaca 1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctagggttac cttttttaat 1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc 1620
cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagga 1680
caaatggatc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc 1740
25 aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga 1800
attaatttta tgccataaaa gaccaacca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa 1860
gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912

```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

65

```

Name: 794006 Len: 1962 Check: 13A0
tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tttttttttt tatgttaa at 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaagg aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttggcat ttcttgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240

```

t	a	a	a	t	c	a	a	g	a	g	g	a	t	t	t	t	300	
a	t	t	t	a	c	a	a	g	a	c	a	a	a	g	a	a	360	
t	t	t	a	t	t	t	a	t	g	a	a	a	a	a	a	a	420	
g	t	a	a	t	a	t	a	c	a	g	a	a	a	a	a	a	480	5
g	a	g	a	t	c	a	t	t	a	a	a	a	a	a	a	a	540	
c	c	a	t	a	c	t	a	c	a	a	a	a	a	a	a	a	600	
a	a	a	g	a	a	a	a	c	a	a	a	a	a	a	a	a	660	
a	t	g	a	a	a	a	a	t	g	g	a	a	a	a	a	a	720	
a	a	g	a	t	g	c	a	a	t	t	a	a	a	a	a	a	780	10
c	c	t	t	c	a	t	c	t	c	t	c	t	c	t	c	t	840	
t	t	a	c	a	c	t	c	t	t	c	t	c	t	c	t	c	900	
g	g	c	a	t	a	g	g	t	c	a	a	a	a	a	a	a	960	
t	t	c	a	a	t	t	t	a	t	c	a	a	a	a	a	a	1020	
t	c	a	t	c	a	g	g	t	t	c	a	a	a	a	a	a	1080	15
a	t	t	g	t	c	t	g	t	a	c	a	a	a	a	a	a	1140	
a	g	c	a	t	t	a	c	t	c	a	a	a	a	a	a	a	1200	
c	a	g	t	a	c	c	g	g	c	a	a	a	a	a	a	a	1260	
c	g	c	a	a	t	t	t	a	a	a	a	a	a	a	a	a	1320	20
g	g	c	g	g	a	t	c	g	a	a	a	a	a	a	a	a	1380	
g	a	g	a	g	a	c	a	g	a	a	a	a	a	a	a	a	1440	
g	g	g	a	g	g	g	g	a	a	a	a	a	a	a	a	a	1500	
t	t	a	t	g	t	t	g	g	c	a	a	a	a	a	a	a	1560	
a	t	t	c	t	g	a	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	1620	25
a	c	t	a	t	a	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	1680	
a	c	a	g	a	t	c	c	t	t	a	a	a	a	a	a	a	1740	
a	t	a	t	g	g	g	g	a	t	a	a	a	a	a	a	a	1800	
t	a	t	g	t	t	c	t	c	a	a	a	a	a	a	a	a	1860	
c	a	a	a	c	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	a	1920	30
c	t	a	a	a	a	a	a	a	t	g	t	a	a	a	a	a	1962	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) **HYPOTHETISCH: NEIN**

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

5  cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtgggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
   tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
   gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
   tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
   aatatcttat aattacagtg acttggatca atcaaagtgt actgaggaaa cacctgaagg 300
   tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
   agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtgggaag gctattcaaa ataaggaccg 420
   ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaagaa 480
10  gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
   ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
   ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggg ggacgtgggc gtggtgggcg 660
   cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgccttc gctcctgatg tggatgacct 720
   agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
15  acccttctgt tcaaagcttt tgcattgcta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
   aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
   gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
   attggttagc gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
20  gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
   cagtttaaaag ctttcacttc atttgtgttt tttaattaag gatttagaag ttcccccaat 1140
   tacaaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
   atgggtcaact gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta 1260
   actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
25  ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatccttat atacagaaat atcagtactt 1380
   gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
   ttgggtcca aattataa 1458

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

Name: 2594262      Len: 2188  Check: 210C
gggccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc 60
cccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc 120
65  ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc 180
   ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc 240
   ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc ccccccccc 300
   ccaaccctcc cccaccccc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360

```


cacctggg	cg	tggaagt	atg	tatgacaga	a	tgcgacgagg	aggtgat	gga	tatgat	gggtg	420	
g	ttatggagg	ttttgat	gac	tatggtggct	ataataatta	cggctatggg	aatgatggct	480				
ttgatgacag	aatgagagat	ggaagaggta	tg	gggaggaca	tg	gctatgg	ggagctgg	540				
atgcaagt	tc	aggttttcat	ggtgg	tcatt	tcgtacatat	gagaggg	ttg	ccttttc	gtg	600		5
caactgaaaa	tgacattgct	aatttcttct	caccactaaa	tccaatacga	gttcatattg	660						
atattggagc	tgatggcaga	gccacaggag	aagcagatgt	agagttt	gtg	acacatgaag	720					
atgcagtagc	tgccatgtct	aaagataaaa	ataacatgca	acatcgatat	attgaactct	780						
tcttgaattc	tactcctgga	ggcggctctg	gcatgggagg	ttctggaatg	ggaggctacg	840						10
gaagagatgg	aatggataat	cagggaggct	atggatcagt	tggaagaatg	ggaatgggga	900						
acaattacag	tggaggatat	ggtactcctg	atggtttggg	tggttatggc	cgtgggtgg	960						
gaggcagtg	aggttactat	gggcaaggcg	gcatgagtgg	aggtggatgg	cgtgggatgt	1020						
actgaaagca	aaaacaccaa	catacaagtc	ttgacaacag	catctgggtct	actagacttt	1080						
cttacagatt	taatttctt	tgtattttta	gaactttata	atgactgaag	gaatgtgttt	1140						15
tcaaaaatatt	atttggtaaa	gcaacagatt	gtgatgggaa	aatgttttct	gtaggtttat	1200						
ttgttgcata	ctttgactta	aaaataaatt	tttatattca	aaccactgat	gttgatactt	1260						
tttatatact	agttactcct	aaagatgtgc	tgccctcata	agatttgggt	tgatgtattt	1320						
tactattagt	tctacaagaa	gtagtgtgg	gtaatttttag	aggataatgg	ttcacctctg	1380						
cgtaaaactgc	aagtcttaag	cagacatctg	gaatagagct	tgacaaaata	ttagtgtaac	1440						20
tttttttctt	agttcctcct	ggacaacact	gtaaatataa	agcctaaaga	tgaagtggct	1500						
tcaggagtat	aaattcagct	aattatttct	atattattat	ttttcaaatg	tcatttatca	1560						
ggcatagctc	tgaaacattg	atgatctaag	aggtattgat	ttctgaatat	tcataattgt	1620						
gttacctggg	tatgagagtg	ttggaagctg	aattctagcc	ctagattttg	gagtaaaacc	1680						25
ccttcagcac	ttgaccgaaa	taccaaaaat	gtctccaaaa	aattgatagt	tg	caggttat	1740					
cgcaagatgt	cttagagtag	ggttaagggt	ctcagtgaca	caagaattca	gtattaagta	1800						
cataggtatt	tactatggag	tataattctc	acaattgtat	tttcagtttt	ctgoccaata	1860						
gagtttaaat	aactgtataa	atgatgactt	taaaaaaatg	taagcaacaa	gtccatgtca	1920						
tagtcaataa	aaacaatcct	gcagttgggt	tttgtatctg	atccctgctt	ggagtttttag	1980						30
tttaaagaat	ctatatgtag	caaggaaaag	gtgcttttta	at	tttaaatcc	ctttgatcaa	2040					
tatggctttt	ttccaaattg	gctaattggat	caaaatgaaa	cctgttgatg	tgaattcagt	2100						
tattgaactt	gttacttgtt	tttgccagaa	atgttattaa	taaatgtcaa	tgtgggagat	2160						
aaaaaaaa	aaaaaaaa	aaaaaaaa				2188						35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

ctcgctagtt cgatcggttag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgcccgc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcaccg caaccatgag cagcggagcc gagacccagc agccgcccgc 180
5 ggcccccccc gcggcccccg ccctcagcgc cgccgacacc aagcccggca ctacgggcag 240
cggcgcaggg agcgggtggcc cgggcgccct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
gaaggtcatc gcaacgaagg ttttggggaa agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420
gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
10 tgttggtgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
gggatcggag agtgctcccg aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
15 gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcagggggc ctctcgcga 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagacca 960
aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
20 agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcagggcgg ggctgagtaa atgccggctt accatctcta1140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgcttttt gcccgttgac cagataaata1260
gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc1320
25 tttttggtaa taacaaacgt gttttttaaa aaagcctggg ttttctcaat acgcctttta1380
aggtttttaa attgtttcat atctgggtcaa gttgagattt ttaagaactt catTTTTTaat1440
ttgtaataaa agttttacaac ttgatTTTTT caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaaggc cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

55

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccgggggt ggtgattgga ggaaaccccc tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctcagcctcg ccgctgctgc cgccgcccgc gccagagac 180
65 tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattga 240

```



```

taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcag atgatgacat 300
ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccggt aggtcatctt ggaggggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttggg 540
aaagttcttg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720
caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
agagacaact tgacatttgt gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
ggaggggaaa attaacgggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt 1020
agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt 1080
ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg 1140
ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtgggc 1200
ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254

```

5

10

15

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 577 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

```

ctcgtgccgg ggtcgccctt ggagcagaga ggaggcaatg gccaccatgg agaacaaggt 60
gatctgcgcc ctggtcctgg tgtccatgct ggccctcgcc accctggccg aggccagac 120
agagacgtgt acagtggccc cccgtgaaag acagaattgt ggttttcctg gtgtcacgcc 180
ctcccagtgt gcaaataagg gctgctgttt cgacgacacc gttcgtgggg tcccctgggt 240
cttctatcct aataccatcg acgtccctcc agaagaggag tgtgaatttt agacacttct 300
gcagggatct gcctgcatcc tgacgcggtg ccgtcccag cagcgtgatt agtcccagag 360
ctcggctgcc acctccaccg gacacctcag acacgcttct gcagctgtgc ctcggtcac 420
aacacagatt gactgctctg actttgacta ctcaaaatg gcctaaaaat taaaagagat 480
cgatattaaa aaaaaagaa aggaaaaaaa acctcggagg gggggggggc ccggttagcc 540
caatttgggc cctatgaggg ggggaggagt tacaagg 577

```

55

60

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 263 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

```

gcgagtggga gcaccaggat ctcgggctcg gaacgagact gcacgggttg ttttaagaaa 60
atggcagaca aaccagacat gggggaaatc gccagcttcg ataaggcgaa gctgaagaaa120
acggagacgg agggggggaa caccctgccg accaaagaga ccattgagca ggagaagcgg180
gtgaaatttc ctaagagccg ggggggtttc gtgccggggg tccttttggg gggcccgagt240
ggttgtgtgg agaaaggccc cct                                     263

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 425 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

```

gaaagaaatg aaagacagag acagcttttg ctatgggaga gggaggaggc cgggggaagg 60
aggagacagg aggaggaggg accacggggt ggaggggaga tagaccagc ccagagctct120
gagtggtttc ctgttgccctg tctctaaacc cctccacatt cccgcggtcc ttcagactgc180
ccggagagcg cgctctgcct gcggcctgcc tgcctgccac tgagggttcc cagcaccatg240
agggcctgga tcttctttct cctttgcctg ggaggaggagg ccttggcagc ccctcagcaa300
gaagccctgc ctgatgagac agagggtggtg gaagaaatgt gggagagggtg actgaggtat360
gtgtgggagt aaccctgcc aggtggaagg ggggagtttg aaagtggggg aaggaacccg420
aaggg                                           425

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 954 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```

cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgtga gagcagggtc 60
actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120
tctttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttcttg180
gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacaggcca240
ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agccacaca gaacatggtg300
ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttggc ccagccggag420
atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
gaattgatga cggcagggtg ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540
ctgttgtaatt tggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccctcc600
aggacttcga tgttggtgctc tcccagtctc acctggatgc gggacttgta gcagtgacct660
gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca780
tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaacccgt ctttatacct cccgaggatg900
gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctcctc ccagcacaaa caca          954

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 647 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

```

30 ctctcctgcc cgaggtccat catcctggag taccaccagg agcgcgtggt gctgacccgc 60
aagccagtcc acgggggtgat gacgaacgag atcatcttca acaacaaggt ggtcagcccc120
ggcttccgga aaaacggcat cgtggtctcg cgcacggcg tcaagatgta cgcgaccatc180
cgggagctgg gagtccaggt catgttctcc ggcctcatct tctccgtgga ggtgcccttc240
35 agcaagtttg ccaacaacac cgagggccag tgcggcactt gcaccaacga caggaaggat300
gagtgccgca cgcctagggg gacgggtggc gcttcctgct ccgagatgtc cggcctctgg360
aacgtgagca tccctgacca gccagcctgc gaccggcctc acccgaggcc caccacggtc420
gggcccacca cagttgggtc taccaccgtc gggcccacca cagcgcctgc tgcgtgcctg480
ccatcaccca tctgccacct gattctgagc aaggtgtttg agccgtgcca cagtgtgato540
40 cccccactgc tgttctatga gggctgctg tttgaccggg gccagatgac ggacctggat600
gtgggtgtgct ccaggctgga gctgtacggg gcagtgtgtg cgtccca 647

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

5

ggcgggacccg	ccggggggtcg	aggcctgcct	ctccgagagc	tcctggcgcg	gccgtcccgg	60	
cccgggggccc	caggtgogct	tcccctagag	agggattttc	cggctctcgtg	ggcagaggaa	120	
caaccaggaa	cttgggggctc	agtctccacc	ccacagtggg	gcggatccgt	cccggataag	180	10
acccgctgtc	tggccctgag	taggggtgtga	cctccgcagc	cgcagaggag	gagcgcagcc	240	
ggcctcgaag	aacttctgct	tgggtggctg	aactctgac	ttgacctaga	gtcatggcca	300	
tggcaaccaa	aggaggtact	gtcaaagctg	cttcaggatt	caatgccatg	gaagatgcc	360	
agaccctgag	gaaggccatg	aaagggtctg	gcaccgatga	agacgccatt	attagcgtcc	420	15
ttgcctaccg	caacaccgcc	cagcgccagg	agatcaggac	agcctacaag	agcaccatcg	480	
gcagggactt	gatagacgac	ctgaagtcag	aactgagtgg	caacttcgag	caggtgattg	540	
tggggatgat	gacgcccacg	gtgctgtatg	acgtgcaaga	gctgcgaagg	gccatgaagg	600	
gagccggcac	tgatgagggc	tgcctaattg	agatcctggc	ctcccggacc	cctgaggaga	660	
tcgggogcat	aagccaaacc	taccagcagc	aatatggacg	gagccttgaa	gatgacattc	720	20
gctctgacac	atcgttcatg	ttccagcgag	tgctgggtgtc	tctgtcagct	ggtgggaggg	780	
atgaaggaaa	ttatctggac	gatgctctcg	tgagacagga	tgcccaggac	ctgtatgagg	840	
ctggagagaa	gaaatggggg	acagatgagg	tgaaatttct	aactgttctc	tgttcccggg	900	
accgaaatca	cctgttgcat	gtgtttgatg	aatacaaaaag	gatatcacag	aaggatattg	960	
aacagagtat	taaatctgaa	acatctggta	gctttgaaga	tgctctgctg	gctatagtaa	1020	25
agtgcattgag	gaacaaatct	gcatattttg	ctgaaaagct	ctataaatcg	atgaagggct	1080	
tgggcaccga	tgataacacc	ctcatcagag	tgatggtttc	tcgagcagaa	attgacatgt	1140	
tggatatccg	ggcacacttc	aagagactct	atggaaagtc	tctgtactcg	ttcatcaagg	1200	
gtgacacatc	tggagactac	aggaaagtac	tgcttggtct	ctgtggagga	gatgattaaa	1260	
ataaaaatcc	cagaaggaca	ggaggattct	caacactttg	aattttttta	acttcatttt	1320	30
tctacactgc	tattatcatt	atctcagaat	gcttattttc	aattaaaacg	cctacagctg	1380	
cctcctagaa	tatagactgt	ctgtattatt	attcacctat	aattagtcat	tatgatgctt	1440	
taaagctgta	cttgcatttc	aaagcttata	agatataaat	ggagatttta	aagtagaaat	1500	
aaatatgtat	tccatgtttt	taaaagatta	ctttctactt	tgtgtttcac	agacattgaa	1560	35
tatattaaat	tattccatat	tttcttttca	gtgaaaaatt	ttttaaatgg	aagactgttc	1620	
taaaatcact	tttttcccta	atccaatttt	tagagtggct	agtagtttct	tcatttgaaa	1680	
ttgtaagcat	ccggtcagta	agaatgccca	tccagttttc	tatatattcat	agtcaaagcc	1740	
ttgaaagcat	ctacaaatct	cttttttttag	gttttggtcca	tagcatcagt	tgatccttac	1800	
taagtttttc	atgggagact	tccttcatca	catcttatgt	tgaaatcact	ttctgtagtc	1860	40
aaagtatacc	aaaaccaatt	tatctgaact	aaattctaaa	gtatggttat	acaaaccata	1920	
tacatctggg	taccaaacat	aaatgctgaa	cattccatat	tattatagtt	aatgtcttaa	1980	
tccagcttgc	aagtgaatgg	aaaaaaaaat	aagcttcaaa	ctaggtattc	tgggaatgat	2040	
gtaatgctct	gaatttagta	tgatataaag	aaaacttttt	tgtgctaaaa	atacttttta	2100	
aaatcaattt	tgttgattgt	agtaattttc	atttgcactg	tgcttttcaa	ctccagaaac	2160	45
attctgaaga	tgtacttgga	tttaattaaa	aagttcactt	tgtaaaaaaa	aaa	2213	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1728 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

```

acctatggct tactgaatgg tgattacttt ctttgggctc ggaactactt gcccttagga 60
tataaaaatg atgacatcca ttatagagtg ctcacagaag gaaatgaagt aatatagggtg 120
tgagatccag accaaaagtc atttaacaag ttatttcagt gatgaaaaca tgggacaaat 180
ggactaatat aaggcagtg actaagctga gtagagagat aaagtcctgt ccagaagata 240
catgcttcct ggcctgattg aggagatgga aaatTTTTTgc aaaaaacaag gtgttggtgtg 300
cttccatcca gtttcttaag tgctgatgat aaaagtgaat tagaccacc ttgacctggc 360
ctacagaagt aaaggagtaa aaataaatgc ctgagcgctg ctttttgatt catttgataa 420
acaaagcatc ttttatgtgg aatataccat tctgggtcct gaggataaga gagatgaggg 480
cattagatca ctgacagctg aagatagaag aacatctttg gtttgattgt ttaaataata 540
tttcaatgcc tattctctgc aagggtactat gtttcgtaaa ttaaataggt ctggcccaga 600
agaccactc aattgccttt gagattaaaa aaaaaaaaaa aaagaaagaa aaatgcaagt 660
ttctttcaaa ataaagagac atttttccta gtttcaggaa tcccccaaat cacttcctca 720
ttggcttagt ttaaagccag gagactgata aaagggctca gggtttggtc ttaattcat 780
taactaaaca ttctgctttt attacagtta aatgggtcaa gatgtaacaa ctagttttta 840
aggatattgc tcattgggtc ggcttagaga caggaagaca tatgagcaat aaaaaaaga 900
ttcttttgca tttaccaatt tagtaaaaaat ttattaaaac tgaataaagt gctgttctta 960
agtgccttga agacgtaaac caaagtgcac tttatctcat ttatcttatg gtggaaacac 1020
aggaacaaat tctctaagag actgtgtttc tttagttgag aagaaacttc attgagtagc 1080
tgtgatatgt tcgatactaa ggaaaaacta aacagatcac ctttgacatg cgttgtagag 1140
tggaataaag agagggcttt ttattttttc gttcatacga gtattgatga agatgatact 1200
aaatgctaaa tgaaatatat ctgctccaaa aggcatttat tctgacttgg agatgcaaca 1260
aaaacacaaa aatggaatga agtgatactc ttcacaaac agaagtgact gttatctcaa 1320
ccattttggt aaatcctaaa cagaaaacaa aaaaaatcat gacgaaaaga cacttgctta 1380
ttaattggct tggaaagtag aatataggag aaagggtact gtttattttt tttcatgtat 1440
tcattcattc tacaaatata ttcggtgccc aatagggtact tggataagg tttttggccc 1500
cagagacatg ggaaaaaaat gcatgccttc ccagagaatg cctaataact tccttttggc 1560
ttgttttctt gttaggggca tggcttagtc cctaaataac attgtgtggt ttaattccta 1620
ctccgtatct cttctacca cttctgggcc actacggtta gggcagggtg ggctgggggt 1680
tttgtagtt gagcgttgct cccttgaagt taccagggac cttgcctt 1728

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

cctcgtgcag	gtgcaccgct	tggtcctaaa	agctctggag	gatggccggg	catatgggtc	60
tccatgggtgc	aacaaacaga	tcacaagggtg	cctaattgaa	tgtcgagatg	aatataaata	120
taatgtggag	gctgtggagc	tgctaattcg	caatcatttg	gttaatatgc	agcagtatga	180
tcttcaccta	gcgagtcaa	tgagagaatgg	cttaaactac	atggctgtgg	catttgctat	240
gcagttagta	aaaatcctgc	tggtggatga	aaggagtgtt	gctcatgtta	ctgaggcaga	300
tctgttccac	accattgaaa	ccctcatgag	gattaatgct	cattccagag	gcaatgctcc	360
agaaggattg	ccccagctga	tggaagtagt	gcgatccaac	tatgaagcaa	tgattgatcg	420
tgctcatgga	ggcccaaact	ttatgatgca	ttctgggatc	tctcaagcct	cagagtatga	480
tgaccctcca	ggcctgaggg	agaaggcaga	gtatcttctg	agggaatggg	tgaatctcta	540
ccattcagca	gcagctggcc	gcgacagtac	caaagctttc	tctgcatttg	ttggacagat	600
gcaccagcaa	ggaatactga	agaccgatga	tctcataaca	aggttctttc	gtctgtgtac	660
tgaaatgtgt	gttgaaatca	gttaccgtgc	tcaggctgag	cagcagcaca	atcctgctgc	720
caatcccacc	atgatccgag	ccaagtgcta	tcacaacctg	gatgcctttg	ttcgactcat	780
tgcaactgctc	gtgaaacact	caggggaggg	caccaacact	gtcacaaga	ttaatctgct	840
gaacaaggtc	cttggtatag	tagtgggagt	tctccttcag	gatcatgatg	ttcgtcagag	900
tgaatttcag	caacttccct	accatcgaat	ttttatcatg	cttctcttgg	aactcaatgc	960
acctgagcat	gtggttgaaa	ccattaattt	ccagacactt	acagctttct	gcaatacatt	1020
ccacatcttg	aggcctacca	aagctcctgg	ctttgtatat	gcctggcttg	aactgatttc	1080
ccatcgata	tttattgcaa	gaatgctggc	acatacgcca	cagcagaagg	ggtggcctat	1140
gtatgcacag	ctactgattg	atttattcaa	atatttagcg	cctttcctta	gaaatgtgga	1200
actcacaaa	cctatgcaa	tcctctacaa	gggcacttta	agagtgtctgc	tggttctttt	1260
gcatgatttc	ccagagttcc	tttgtgatta	ccattatggg	ttctgtgatg	tgatcccacc	1320
taattgtatc	cagttaagaa	atttgatcct	gagtgccttt	ccaagaaaca	tgaggctccc	1380
cgacccttc	actcctaate	taaagggtga	catgttgagt	gaaattaaca	ttgctccccg	1440
gattctcacc	aatttcactg	gagtaatgcc	acctcagttc	aaaaaggatt	tggaattccta	1500
tcttaaaact	cgatcaccag	tcactttcct	gtctgatctg	cgcagaacct	acaggatatcc	1560
aatgaacctg	ggaatcgcta	caacctccag	ctcatcaatg	cactgggtgct	ctatgtcggg	1620
actcaggcca	ttgcgcacat	ccacaacaag	ggcagcacac	cttcaatgag	caccatcact	1680
cactcagcac	acatggatat	cttcacagaat	ttggctgtgg	acttggacac	tgagggtcgc	1740
tatctctttt	tgaatgcaat	tgcaaatcag	ctccggtacc	caaatagcca	cactcactac	1800
ttcagttgca	ccatgctgta	cctttttgca	gaggccaata	cggaaagccat	ccaagaacag	1860
atcacaagag	ttctcttgga	acggttgatt	gtaaataggg	cacatccttg	gggtcttctt	1920
attaccttca	ttgagctgat	taaaaaccca	gcgtttaagt	tctggaacca	tgaatttgta	1980
cactgtgccc	cagaaatcga	aaagttatct	cagtcggtcg	cacagtgtctg	catgggacag	2040
aagcaggccc	agcaagtaat	ggaagggaca	ggtgccagtt	agacgaaact	gcatctctgt	2100
tgtacgtgtc	agtctagagg	tctcactgca	ccgagttcat	aaactgactg	aagaatcctt	2160
tcagctcttc	ctgactttcc	cagccctttg	gtttgtgggt	atctgcccc	actactgttg	2220
ggatcagcct	cctgtcttat	gtgggcacgt	tccaaagttt	aaatgcattt	ttttgactct	2280
tgGCCAAAAT	ttagaagatg	ctgtgaatat	cattttgaac	ttgtgtaaat	acatgaaaga	2340
ggaaaacctt	tgtctggaac	ttcttggctt	tgtgcaagct	gtgtccaagg	caagtacata	2400
aactgggtacc	ttgtaatgaa	gaggcagctg	atgccatgca	cttgtctgag	ggcatagctc	2460
catgtcttct	gacattcctg	gtgtcccaaa	gaatagcaaa	aagccagttt	gaatattatg	2520
taacttatit	ttttaatgtg	gacaggggac	cttgaaaatc	actaagttat	taaaaatgtg	2580
gatgtgctag	aattggatat	gtccagggaac	atgggaaggg	ctcactattg	gaatcccattg	2640
agtttccatt	ttgtctctac	ccaaacgtat	tccaaagctg	actgcatttg	taccatctta	2700
tttctttttg	ggattataca	cctcagccgc	ctgagatggg	ggtcagctct	ttatataaag	2760
ggaaaccaga	ccaggcctaa	agcccccccc	ctaccctcac	cccccccaca	atcctctcct	2820
gaaactttta	aaaccagtgg	ggatttttagg	gaaagggaac	ccaaaccgcg	attaattg	2878

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaattctta aaaagtaatg ggatcttttg 60
acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaatTTTaa ccatattctt ttctagttaa120
agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
cgagagccct gtcattcttct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
35 ttgggaaaat gaggtacgtt agtggtcgcg attttaaagg caaagtgcta attgatatta300
gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaagggt atttctttta360
atccagaaca atggagccag ctgaaggaa acagatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
40 tttttacatt ggcttttggt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

10

```

gtttttttttt ttttttttttt tttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120
gaaccggtca tcaatcatgt ctgggcagtc toccaaccaa caggtttggt tggttcagga180
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300
atggaaatca aattagggtt attacatcag gaagtacatt tcacctgat cataaaagag360
ggacaaggga gcaactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcagggcct tccccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaag cttttgttat ctttggtatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
tggagtacga gccggtagag gaatcctgtt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aaggtcggag aaccaagttc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
ttgatgaagg tccccgcctg ctgtcccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
gcatttcctg atttcctctg tggtaataaa agctttc 817

```

15

20

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2686 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

Name: 2678229      Len: 2686  Check: 1F21
gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcgggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
agacttccaa ctttgcccat gtcactttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaattg 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatatcca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caaggttgga tggagtactg ctctgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420

```

60

65

```

attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagtttcg ttaöcgttiacc cátaaggggtg 480
aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
5 ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggctct actgaagtaa 780
cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
10 aagcccatca gcttgaggaa gatatttgtt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga1080
acaaagaaag cgtgattact cttttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg1140
15 ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctcagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtgg1380
cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg1440
20 aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg1620
cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt1680
25 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaag1740
aaattgctga caaacagaa aagtataata aatgtaaaca actcttgag gatgagaaag1800
caaaatgcaa taaatatgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac1920
ttaaaaggag tctagaaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatgggtgctt1980
30 tttaccacga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca2040
atgttgctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc2220
35 tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa2280
gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagcg agcagttccc tcctgactat gaccagcagg2340
tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaathtt gactagttag2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga2520
40 ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata2580
aattttaatc tctgttaatc ttaccaaaat ttaaaaaaaaa aaaaaaaat cgtaactttat2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 827 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

```

tagtcgcggg ccgactggtg tttatccgtc actcgccgag gttccttggg tcatggtgcc 60
agcctgactg agaagaggac ggtcccggga gacgaatgag gaaccacctc ctccctactgt120
tcaagtacag gggcctgggtc cgcaaaggga agaaaagcaa aagacgaaaa tggctaaatt180
cgtgatccgc ccagccactg ccgccgactg cagtgcata ctacggctga tcaaggagct240
ggctaaatat gaatacatgg aagaacaagg aatcttaact gaaaaagatc tgctagaaga300
tggtttttga gagcaccctt tttaccactg cctgggttgca gaagtgccga aagagcactg360
gactccggaa ggacacagca ttggttggtt tgccatgtac tattttacct atgaccctg420
gattggcaag ttattgtatc ttgaggactt cttcgtgatg agtgattata gaggtacgat480
tgagtccgga gcagaggggtc tgaagagagt tcagagttat aaatgcttac aatgactttt540
taaattgtac tctttctttt taggcttttg cataggatca gaaattctga agaattctag600
ccaggtatgt cttagttttt ggtttccaaa tttgtaagtt tactggatta ttttaatat660
ggaataaaaa ttgggtcttg agagcaggct gaaatgtcac tgagtgtgtg ttttactctc720
tcataatagg ttgcaatgag gtgtcgctgc agcagcatgc actgctgggt accagaatgg780
aatgaaccat ccacagctt cgagaaaaga ggaggggctt ctgatct 827

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcatccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgcctcctcc gccgccgcgg actccggcag ctttatcgcc agagtcctctg120
aactctcgtt ttctttttta tccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaagt240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tgaggagcag gaggtgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtogatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccc cccgccacc600

```

gtgggcagtg ccacccgcag atgacacgcg ctctccacāā cccāāccāā accatgagaa660
 ttgcaacag gggagggaaa aaggacāāā acttccaagg ccctgctttt tttcttaāāā720
 gtactttāāā aaggāāāttt gtttgtatgt tctatāāā tttgatagt ttgtacatat780
 5 tgttaggggt caaccatāāā taatgatctc ggatgacāā accagccttc ggaagcgttc840
 tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggttgttga ccatgttāā ttataatccc900
 āāāggggga āāāāāacct tt 922

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
 gtgccccgag ctctccgcct ccccccgcgc gccagccgag gcagctcgag cccagtcgcgc120
 ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
 45 tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggāāāacgt tcgtcaacat cacgccagct300
 gaggtgggtg tcctgggttg caaagaccgg tcaagtāāā acgtgaatgg gctgacactt360
 gggggccaga aatgttcggg gatccgggac tcaactgctgc aggatgggga atttagcatg420
 gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggcc cccaccttca atgtcactgt caccaagact480
 50 gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaāā gaaggtgtcc acggtgggtt gatcaacaag540
 āāatgttatg āāatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
 ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac āāāaccatt660
 ttatāāāāāāāā ggccattacc ccataccctt tattgctgcc āāāaccacat gggctggggg720
 ccagggtgg atggacagac acctccccc acccatatcc ctcccgtgtg tgggtggāāā780
 55 actāāāāāāāā tttgggggtt tttāāāāāāāā aataāāāāāā attctactta āāāāāāāāāā840
 āāāāāāāāāā āāāāāāāāāā āāāggggggg 870

60 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 65 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtggtg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgggtca aagtgccctt gaagaaattt aagtctatcc 180
gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacctc cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccagggtccc aaccaggagt tgggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgcaggaggg cgccctcacc agccccgtct 720
tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
tgatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcaccacg gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttcctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgctcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggcccagg aggatgagta tggacagttt ctggtgaact 1020
gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcatcat caatgggtgtg gagttccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctcatgaaca acggctactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctcccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt 1200
cctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgctgctt cgacacgtgg gctcccctct tcctcttgac cctgcacctt cctagggcat 1320
tgtatctgtc tttccactct ggattcagcc ttctttttct ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

25

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 3041 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

15

```

ccgtacacca aaaacctcca atccctatcc ccgacgaccg gatcctgagg aggcagctgc 60
ggtggcactg tgcctgttctc ggtgaaggta tttcatittct cctgacccct ccactcccc 120
ccccacccc atctattaat attattcttt tgaagattct tcgttgtcaa gccgccaag 180
tggagagtgc gattgcagaa gggggtgctt ctctgtttcag tgcttcttcg ggcggaggag 240
20 gaagtagggg tgcacctcag cactatccca agactgctgg caacagcgag ttcctgggga 300
aaaccccagg gcaaaacgct cagaaatgga ttcctgcacg aagcactaga cgagatgaca 360
actccgcagc aaacaactcc gcaaacgaaa aagaacgaca tgatgcaatc ttcaggaaag 420
taagaggcat actaaataag cttactcctg aaaagtittga caagctatgc cttgagctcc 480
25 tcaatgtggg tgtagagtct aaactcatcc tttaaaggggt catactgctg attgtggaca 540
aagccctaga agagccaaag tatagctcac tgtatgctca gctatgtctg cgattggcag 600
aagatgcacc aaactttgat ggcccagcag cagagggtca accaggacag aagcaaagca 660
ccacattcag acgcctccta atttccaaat tacaagatga atttgaaaac cgaactagaa 720
atgttgatgt ctatgataag cgtgaaaatc ccctcctccc cgaggaggag gaacagagag 780
30 ccattgctaa gatcaagatg ttgggaaaca tcaaattcat tggagagctt ggcaagcttg 840
atcttattca cgaatctatc cttcataagt gcatcaaaac actttttggaa aagaagaaga 900
gagtccaact caaagatatg ggagaggatt tggagtgcct ctgtcagata atgaggacag 960
tgggacctag attagaccat gaacgagcca agtccttaat ggatcagtac tttgcccga 1020
tgtgctcctt gatgttaagt aaggaattgc cagcaaggat tcgtttcctg ctgcaggata 1080
35 ccgtagagtt gcgagaacac cattgggttc ctgcgaaggc ttttcttgac aatggacca 1140
agacgatcaa tcaaattcgt caagatgcag taaaagatct aggggtgttt attcctgctc 1200
ctatggctca agggatgaga agtgacttct ttctggaggg accgttcatg ccaccagg 1260
tgaaaatgga tagggacca cttggaggac ttgctgatat gtttggaaca atgccagg 1320
40 gcggaattgg tactggtcca ggagttatcc aggatagatt ttcaccacc atgggacgtc 1380
atcgttcaaa tcaactcttc aatggccatg ggggacacat catgcctccc acacaatcg 1440
agtttgagga gatgggaggc aagtttatga aaagccagat tagcctgagg cctgctcagt 1500
cgttccta at gaataaaaaat caagtgccaa agcttcagcc ccagataact atgattcctc 1560
ctagtgcaca accaccacgc actcaaacac cacctctggg acagacacct cagcttggtc 1620
45 tcaaaactaa tccaccactt atccaggaaa agcctgccaa gaccagcaaa aagccaccac 1680
cgtaaaagga agaactcctt aaactaactg aaactgttgt gactgaatat ctaaatagt 1740
gaaatgcaaa tgaggctgtc aatgggtgtaa gagaaatgag ggctcctaaa cactttcttc 1800
ctgagatgtt aagcaaagta atcatcctgt cactagatag aagcgatgaa gataaagaaa 1860
aagcaagtcc tttgatcagt ttactcaaac aggaagggat agccacaagt gacaacttca 1920
50 tgcaggcttt cctgaatgta ttggaccagt gtcccaaact ggagggttgac atccctttgg 1980
tgaaatccta tttagcacag tttgcagctc gtgccatcat ttcagagctg gtgagcattt 2040
cagaactagc tcaaccacta gaaagtggca cccattttcc tctcttccta ctttgtcttc 2100
agcagtttagc taaattacaa gatcgagaat ggttaacaga actttttcaa caaagcagg 2160
agcgaagggt ccaatatgca gaaaatgctc ccagaaattg atcagaataa ggaccgcag 2220
55 ttggagattt tgggaaggaaa gggactgagt ttcttattcc cactcctcaa attggagaag 2280
gaactgttga agcaataaaa gttggatcca tccctcctaa ccatatataa atggattaaa 2340
gataacatct ctcccaaact tcatgtagat aaaggatttg tgaacatctt aatgactagc 2400
ttcttacagt acattttctag tgaagtaaac cccccagcg atgaaacaga ttcattcctc 2460
gctccttcca aagaacagtt agagcaggaa aaacaactac tactatcttt caagccagta 2520
60 atgcagaaat ttcttcatga tcaogttgat ctacaagtca gtgccctgta tgctctccag 2580
gtgcactgct ataacagcaa ctccccaaaa ggcatgttac ttcgcttttt tgtgcacttc 2640
tatgacatgg aaattattga agaagaagct ttcttggctt ggaaagaaga tataacccaa 2700
gagtttccgg gaaaaggcaa ggctttgttc caggtgaatc agtggctaac ctggttagaa 2760
actgctgaag aagaagaatc agaggaagaa gctgactaaa gaaccagcca aagccttaaa 2820
65 ttgtgcaaaa catactgttg ctatgatgta actgcatttg acctaacac tgcgaaaatt 2880
cattccgctg taatgttttc acaatattta aagcagaagc acgtcagtta ggatttcctt 2940
ctgcataagg tttttttgta gtgtaatgtc ttaatcatag tctaccatca aatattttag 3000
gagtatcttt aaaagttagg cggtaggttt ttttggccgg c 3041

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgccctccctg tgttgggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcatcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcatcacct 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aataccaga tgctgtggcc acatgggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatag ggatgatgaa gatgatgacg 480
accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600
atthtccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttcactcc agttgtcccc acagtagaca 660
catatgatgg ccgaggatg agtggtggtt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tcccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
ctgaaacca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca 1020
gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tgggtgtaga ccccaaaagt aaggaagaag 1080
ataaacacct gaaatttcgt atthtctcatg aattagatag tgcattcttc gaggtcaatt 1140
aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata 1200
gcaaaatgaa agagaacatg aatgctttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta 1260
tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcatggaaa 1320
ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa 1380
actatcactg tatthtaata ttgtttatc totcatgaat agaaatttat gtagaagcaa 1440
acaaaatact tttaccact taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataacttttt 1500
gtthtttaag ttagtgtata tttgtgtgtg attatctttt tgtggtgtga ataatctttt 1560
tatcttgaat gtaataagaa tttggtggtg tcaattgctt atthgttttc ccacggttgt 1620
ccagcaatta ataaaacata acctthttta ctgcctaaaa aaaaaaaaga gaadagaaaa 1680
aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77:

ctcgagccgc aacagtctaa ttgtaggata tgtaatagga atcaacaagc taccocaggg 60
 35 cccgcataca gtggtcgaga gacaatatac cccaatgcat ccctgctgat ccagaacgtc 120
 acccagaatg acacaggatt ctatacccta caagtcataa agtcagatct tgtgaatgaa 180
 gaagcaaccg gacagttcca tgtatacccg gagctgcccc agccctccat ctccagcaac 240
 aactccaacc cagtggagga caaggatgct gtggccttca cctgtgaacc tgagggttcag 300
 aacacaacct acctgtggtg ggtaaattggc cagagcctcc cggtcagtcc caggctgcag 360
 40 ctgtccaatg gcaacatgac cctcactcta ctcagcgtca aaaggaacga tgcaggatcc 420
 tatgaatgtg aaatacagaa cccagcagat gccaacccga gtgacccagt caccctgaat 480
 gtcctctatg gccagatgg cccaccatt tccccctcaa aggccaatta ccgtccaggg 540
 gaaaatctga acctctcctg ccacgcagcc tctaaccac ctgcacagta ctcttggttt 600
 atcaatggga cgttccagca atccacacaa gagctcttta tccccacat cactgtgaat 660
 45 aatagcggat cctatatgtg ccaagcccat aactcagcca ctggcctcaa taggaccaca 720
 gtcacgatga tcacagtctc tggaagtgtc cctgtcctct cagctgtggc caccgtcggc 780
 atcacgattg gagtgctggc cagggtggct ctgatatagc agccctgggtg tatttttcgat 840
 atttcaggaa gactggcaga ttggaccaga ccctgaattc ttctagctcc tccaatccca 900
 50 ttttatccca tggaaccact aaaaacaagg tctgctctgc tctgaagcc ctatatgctg 960
 gagatggaca actcaatgaa aatttaaagg gaaaaccctc aggcctgagg tgtgtgccac1020
 tcagagactt cacctaacta gagacagtca aactgcaaac catggtgaga aattgacgac1080
 ttcacactat ggacagcttt tcccaagatg tcaaaaacaag actcctcatc atgataaggc1140
 tcttaccccc ttttaatttg tcttgctta tgctgcctc tttcgttgg caggatgatg1200
 55 ctgtcattag tatttcacaa gaagtagctt cagagggtaa cttaacagag tatcagatct1260
 atcttgtcaa tcccaacgtt ttacataaaa taagagatcc tttagtgcac ccagtgactg1320
 acattagcag catctttaac acagccgtgt gttcaaatgt acagtgggtcc ttttcagagt1380
 tggacttcta gactcacctg ttctcactcc ctgttttaat tcaaccacgc catgcaatgc1440
 caaataatag aattgctccc taccagctga acagggagga gtctgtgcag tttctgacac1500
 60 ttgttggtga acatgggtaa atacaatggg tatcgtgag actaagttgt agaaattaac1560
 aaatgtgctg cttgggttaa atggctacac tcatctgact cattctttat tctattttag1620
 ttgggtttgta tcttgccctaa ggtgcgtagt ccaactcttg gtattaccct cctaatagtc1680
 atactagtag tcatactccc tgggtgtagtg tattctctaa aagcttttaa tgtctgcatg1740

65

cagccagcca	tcaaatagtg	aatgggtctct	ctttggctgg	aattacaaaa	ctcagagaaa	1800	
tgtgtcatca	ggagaacatc	ataacccatg	aaggataaaa	gccccaaatg	gtggtaactg	1860	
ataatagcac	taatgcttta	agatttggtc	acactctcac	ctagggtgagc	gcattgagcc	1920	
agtgggtgcta	aatgctacat	actccaactg	aaatgttaag	gaagaagata	gatccaatta	1980	5
aaaaaaatta	aaaccaattt	aaaaaaaaaa	agaacacagg	agattccagt	ctacttgagt	2040	
tagcataata	cagaagtccc	ctctacttta	actttttaca	aaaagtaacc	tgaactaatc	2100	
tgatgttaac	caatgtattt	atttctgtgg	ttctgtttcc	ttgttccaat	ttgacaaaac	2160	
ccactgttct	tgtattgtat	tgcccagggg	gagctatcac	tgtacttgta	gagtgggtgct	2220	
gctttaattc	ataaatcaca	aataaaagcc	aattagctct	ataactaaaa	aaa	2273	10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

accgcccccg	ctgtgggtct	cagcagctcg	ggcggcgggg	gggggtggcag	cggcaaggca	60	
gccagtttc	gcgaaggctg	tcggcgcgcc	gcggccccga	ggcaccgggc	acgcgccttc	120	
cccgccaggca	cccggcacgc	gccttccccg	ccgccacgat	gccaagagg	aaggtcagct	180	
ccgccgaagg	gccgcccaagg	aagagcccaa	gaggagatcg	gcgcggttgt	cagctaaacc	240	
tcctgcaaaa	gtggaagcga	accgaaaaag	gcagcagcga	aggataaatc	ttcagacaaa	300	
aaagtgc aaa	caaaaggga	aaggggagca	aaggga aaac	aggccgaagt	ggctaacc aa	360	50
gaaactaaag	aagacttacc	tgcggaaaac	ggggaaacga	agactgagga	gagtccagcc	420	
tctgatgaag	caggagagaa	agaagccaag	tctgattaat	aaccatatac	catgtcttat	480	
cagtgggtccc	tgtctccctt	cttgtacaat	ccagaggaat	attttttatca	actattttgt	540	
aaatgcaagt	tttttagtag	ctctagaaac	atttttaaga	aggagggaat	cccacctcat	600	
cccatTTTTT	aagtgtaaat	gctTTTTTTT	aagagggtgaa	atcatttgct	ggttgTTTTT	660	55
TTTTTggtac	aaccagaaaa	tagtgtggga	tattgaatta	tgggaggctc	tgactgtctc	720	
gggtgtcagc	ttaacattcc	acagatgggg	ggttagtTTT	tatatcctat	aatacaaagc	780	
atattaaatg	gcaatatgga	gtcagtcctg	catttaaatgt	cttgaacatt	ttaaattact	840	
tctattacca	tgTTTgTTTT	tagtagaatt	gtttcctaaa	gaaaaccact	ctttgatcat	900	60
ggctctctct	gccagaattg	tgtgcactct	gtaacatctt	tgtggtagtc	ctgttttcct	960	
aataactTTT	ttaCTgtgct	gtgaaagatt	acagatttga	acatgtagtg	tacgtgctgt	1020	
tgagttgtga	actgggtgggc	cgtatgtaac	agctgaccaa	cgtgaagata	ctggtagttg	1080	
atagcctctt	aaggaaaatt	tgcttccaaa	ttttaagctg	gaaagtcact	ggaataactt	1140	
taaaaaagaa	ttacaataca	tggctTTTTT	gaatttcggt	acgtatgtta	agatttggtg	1200	65
acaaattgaa	atgtctgtac	tgatcctcaa	ccaataaaat	ctcagttatg	aaaataaaaa	1260	
aaaaaaaaaa	aaa					1273	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca cgggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcgg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcgggtg ggactgcacg tagcccggcg ctgggcatgg 120
ctctcctggg gctcgggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
cctctagtga tgatgtgac gaattaactc catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggtg tggtcactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatgggtg tcagggattt cctaccatta 420
agattttttg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctggggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgctcct tgggtgtggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
tatttcagaa aggcgagttc cctgtggatt atgacgggtg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg ttttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc 1020
tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga 1080
agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc 1140
agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgcca 1200
tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagtga caaggcatca 1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcgggg 1320
ctttccctac catcgttgag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgagg 1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagttgtgag 1440
agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat ttttccagca 1500
gtgaagggac attctctaca ctccagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag 1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt 1620
gaaaaattct atgaattgtt gtagccgggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt 1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacatTTTT ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgga 1740
ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct 1800

```


ttttccatta	aagaataaaa	tatttttgac	aatgccgata	aatgtatgaa	gttāgtatcc1860	
acatcataaa	ttcagagtga	tgttttagcag	taaatcaata	ttttgaagtg	atacacagat1920	
gtctttcctc	cccacaaact	tttttaaaca	aaaaacaaga	cctcttttct	ttagatgggtg1980	
ccacctatgc	ccaccacaac	agagatttta	catggaaacc	gggctcagtg	agaactgatt2040	5
tcctgcccaa	tattttgtctt	tgggctgtct	ctagtgacta	attattaagg	aatctagctg2100	
gttatacagt	tcaaggcttt	ctatgttggt	aatgaacctc	aaaatagccg	ttaagacatg2160	
aaatacagca	gcaggttacc	aatgcgaaca	ggtagttcgc	atztatgtaa	aacattcaga2220	
aaatgaagtt	ttgaatttgt	tggaacattc	aaaggacttg	agagcatttt	attgtaactt2280	10
aaaaaaataa	atacaactgt	cactaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaaa2340	
aa					2342	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1959 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

gcagttatat	aataagtttg	ggagacaaaa	tgatacgcac	acgagagaag	atgaagaaga	60
tactcaaagt	tccaaatctg	aagaacatca	tttgtagtct	aatccaatca	aagaagaaat	120
gactgagtct	aagttctcta	agtactctga	aatgagtgag	gaaaaacgag	ccaaacttcg	180
tgaatttgag	ctcaaagtta	tgaagtttca	ggatgaattg	gaatctggga	aaagacctaa	240
aaaaccaggc	cagagttttc	aggagcaagt	agaacactac	agagataaac	ttcttcaacg	300
agagaaagag	aaagagttag	aaagagaacg	agaaagagac	aagaaagata	aagaaaaatt	360
ggaatctcgc	tccaaagaca	agaaggaaaa	agatgagtg	actccgacaa	ggaaggaaag	420
gaagaggcga	cacagtacat	ccccagccc	atctcgcagt	agcagtggta	gacgagtga	480
atccccatca	ccaaaatcgg	agcgatcaga	gcgttcagaa	agatctcata	aagagagctc	540
acggtocagg	tcatctcaca	aagattctcc	tagagatggt	agcaaaaaag	ccaaaagatc	600
accatctggg	tcaaggacac	ctaaaaggtc	taggcgatca	cggcttagat	ctcctaaaaa	660
atcaggaaag	aagtccagat	cccagtcag	atctccacac	aggtctcata	aaaagtcaaa	720
gaaaaacaaa	cactgacgta	aattttttaag	atgctgtcac	ttattggaaa	tgcgatttgt	780
tttgtagcctg	aacggtctgt	tttttaaaaa	aacaaaaaat	caaatgaaag	agcattcctg	840
gggttttttg	tttgtttgtg	tatgcatgtg	taaactcatg	agcaactgca	tctgtagatc	900
tgtcattgtt	ttatattgtg	taaattactt	tcattgtggc	tatttctcaa	gatgaaattt	960
ttattgttct	aatggatttc	atcagaaatg	tgtataatgg	atctgctgac	agtagtagta1020	
ttttgtttta	ggatgttggtg	acttagcaaa	aataatacag	atgtcttccc	cccttttgta1080	
gctttgacaa	tttgaattag	atttcaaata	aaatctgaac	agaaaactat	aatgttgttt1140	65
ttttgccccca	ccggtgatat	taagtcctt	aaagtcctac	tgagtttcac	actactgttg1200	
tgcttcttat	acctgatgca	ctttataagc	cccagtggtc	aagtagctta	agtttttatat1260	

```

ttactaagat gactatccaa attaagggac ctgagactcc tatttggtgg tttgctaacc1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggta1380
gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
5  atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaatTTTct1560
aacaaggttt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ctttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
10 ttgggtcccc ccccactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaattca aggtgcaaaa1800
agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagg1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gcccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actatTTTca agaacaatat 120
50  taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gttttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aattttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaatTTaaa acatttcaca 360
55  taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgttaataat 540
aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tcgttgcaac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
60  tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccagggtc ataatttccc atcagtctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
tttctgtttt catgatcgga atactcaaat atatccaaac atctttttta aactttgatt 840
tatagctcct agaaagttat gttttttta atgtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
65  ctcaaagtga atgatttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtaacc tctgctcatt atggaattac1080
acttaaaacg aatctcaaga gggtgaccat tgttgtttca gataccatcc ctaaggagag1140

```

tgggtaacag	gaagattgcc	agtgttactg	atggaaagaa	gtgtttgttt	gtttttttttt	1200
cttgtcaaag	acttacacca	tagtttttaa	ttaaactgtc	aggcattttc	tcagacaggt	1260
tttccttttc	aatgcagtaa	tgaagaacta	agataaaaat	catgactttt	gactgccact	1320
caacattatt	acatgcacca	atattgcaca	catctgttct	gaactgttaa	aatcatcttc	1380
tgagtccttg	gggtgctgtt	ttctccatca	gaacacaaac	acaacccatc	taatcagttt	1440
ccctcaaaga	tgaatttgac	aaattttaatg	tactggaaaa	aaatgaagaa	ggaaaaaggc	1500
aaagactttg	tacagacaaa	aatctaagtt	ttctcaaagg	gttctgtgtc	ccctacacat	1560
gggggcaatt	tgtaagcact	agtgaatcaa	acactagcta	taatgcttct	agctccttat	1620
ataatatgga	accttggtcc	agggtgttgcg	atgatgtcac	tgtacggttc	ttcctgtgtc	1680
agctcaatag	cttgctgctt	tttaagaacc	aagaagctgt	agaactttgc	ggcagcttgt	1740
tttctgttcg	tatttcgaca	taactcaagc	aaactgatag	attcagctcc	agtttttagca	1800
agagcacgct	gaagaccatg	aagcatctgc	tgagtccttt	tgttccatct	tctttcttcc	1860
tgatcttgat	cgccccctga	tgcactcttca	tcctcttcct	cttcatcatc	ttctttttcc	1920
ttctctttct	ccttctcttt	ttctggcaga	agttctaact	ctgggtattag	ctgacagata	1980
tttggagggt	cttctggggg	aagctctaca	gggtggatatt	cccatctgct	ctgggtcaat	2040
ttgtccagct	tttcgcttaa	ctccctgagg	tggtgggtgga	ggcatagctg	actcatctat	2100
gtttgttctg	ctggcctcca	tactgactc	ctggaggcgg	cttggctctt	caataatggg	2160
ctcatcgata	acatcacgct	gctgatgctg	ctgttgctgg	tcctctctag	gaacctctgg	2220
atthttcaa	tctttgagga	attcatccaa	attatctgcc	tctcctcctt	tcctcctttt	2280
tctaagggtc	tctgggtacaa	gcgggtgtaag	acagcgtgta	aagagcttca	gtagtctgtt	2340
attccacaaa	ggctgagcag	gtaaagaaaa	cagtttttct	actcctcctg	tctctttcca	2400
catcatcaat	ttcttggtgg	cggtgccaga	tccaaagtag	taacaatatc	tgaataatca	2460
ctaagttggg	ctctaattgt	cttgctatcc	aactctttga	cactgtcaac	aattagcttc	2520
ctcttcctct	tggtctttgt	ttctttaaca	gttatatcaa	taggctccaa	tgcaaatgct	2580
tcttcctcat	ttggaacaag	tgttgtttga	tcagtcatgg	ttggcattgg	ttcaacggga	2640
tccactgaat	caggactatc	aggcccaccc	attgatacat	tatcatcctc	atccatatcg	2700
tcatgtgcag	gctgctctgg	caacatcacc	cctgcctcag	agagggcagg	gggatcatca	2760
aagataccgc	catcattatt	actaataagt	ttgtcatcta	atattccacc	atcatttcct	2820
tctccaaaat	tatcatcctt	atattgatct	tcataattcta	aatgggtta	tttctcattc	2880
agattgctgg	tgctctgttc	agactcta	aggagggttag	aagtagtagt	gcttactaac	2940
atgtcgtcat	cctcaaaagc	actgccttct	ctcattatct	cacgatcatc	cattccaaaa	3000
tcaccaaaa	catthttctt	taaaatactg	atgttcccaa	cttcttctct	catggttatc	3060
tcttccactc	tactctgatt	caagctgaac	tgctggggcca	catcgatgtc	atctaagtca	3120
ggcagtggct	gatcaaagtc	atgaaattct	tcaggtaaag	taatggcatt	ataagctgct	3180
tcccgatttt	cctcaggcag	gtcaaccaca	cctgcccga	aagccatctt	tatcttaatg	3240
aatgcttcat	tacagtctgc	aagaaggat	ttggctttcc	tgtgatagat	tcgaactact	3300
cccagtaaga	gatgtcctga	tgtccgta	gccattttta	cctttgggtga	gatgatactc	3360
ttccacgctg	ctctctaa	tacactcgaa	cacatgggct	ttgggttagct	tcttatccca	3420
atggggccgct	agccaaattc	ttgccagagg	ccctctttta	ctgagaacaa	aatgtgcgta	3480
gaacattgtt	ctggctggct	atgaaaacag	aagaaaacct	tgctctccgc	tgggagttgg	3540
gcgggctggg	tggcccgggg	aggggaaaag	ggtcggggga	gggggtgggg	aaagggggga	3600
gcccttgcca	gggtgtagct	ccgagcagct	ccccggcccc	cacagccggc	gcctccttcc	3660
cgattcactc	aaacaaacaa	gatggctgcc	gttaaccgcg	ggctcttc		3708

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```

15  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
    tctggggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
    aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcctcag cagggggatc attcacagtg 360
    20  aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaaac gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaagga agacaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
    25  gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggt 660
    gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaagccca tctggaccag aaatcccgcg gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    ggacagttgg aattcagagc ctttctattt gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
    30  gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
    aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggt agactcggag1020
    gatctccctc taaacatatc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tgggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcggg agataaagag1140
    35  aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
    tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtagt acacatctgc ctctgggtgat1260
    gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaataaggg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    40  ctgaagggaat ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
    gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
    aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaagaaa1740
    45  cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
    gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactcttg tttatgaaac tgcgctcctg1860
    tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
    aaacttggct tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta1980
    actgaagaaa tgccaccctt tgaaggagat gacgacacat caagcatgga agaagtagac2040
    50  taatctctgg ctgaggggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
    ttttcaagga tgtttttctt tatttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
    tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta2280
    acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtggtctaa agtggttagc2340
    55  tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaact cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
    tgatgtttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
    ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
    gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
    60  agttaaaagc ctacctaaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtctt2640
    gtggatggaa atgtagtgct cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
    gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
    gttagtcca aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggttaaaca ctagctgctc2820
    caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcaggt gtgggggtgga gcacatgtag2880
    65  gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
    tcttagtgct cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
    acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

cagtggcggc	gcaaccagcc	ttctagggcg	gcgaggaggt	ggagtcaaca	tatcaatgga	60	
gcaagtcaca	gtcgtegatg	ccagcttctt	cttgaaatct	accagaaatg	gaatcctgac	120	35
aatgatacag	gacacacaat	gggtgatcca	ttcatgttgc	agcagtctac	aaatccagca	180	
ccaggaattc	tgggacctcc	acctccctca	tttcatcttg	ggggaccagc	agttggacca	240	
agaggaaatc	tgggtgctgg	aaatggaaac	ctgcaaggac	ctagacacat	gcagaaaggc	300	
agagtggaaa	ctagcagagt	tgttcacatc	atggattttc	aacgagggaa	aaacttgaga	360	
taccagctat	tacagctggg	agaaccattt	ggagtcattt	caaatcatct	gattctaaat	420	40
aaaattaatg	aggcattttat	tgaaatggca	accacagagg	atgctcaggc	cgcagtggat	480	
tattacacaa	ccacaccagc	gttagtattt	ggcaagccag	tgagagttca	tttatcccag	540	
aagtataaaa	gaataaagaa	acctgaagga	aagccagatc	agaagtttga	tcaaaagcaa	600	
gagcttggac	gtgtgataca	tctcagcaat	ttgccgcatt	ctggctattc	tgatagtgtc	660	
gttctcaagc	ttgctgagcc	ttatgggaaa	ataaagaatt	acatattgat	gaggatgaaa	720	45
agtcaggctt	ttattgagat	ggagacaaga	gaagatgcaa	tggcaatggt	tgaccattgt	780	
ttgaaaaaag	ccctttgggt	tcagggggaga	tgtgtgaagg	ttgacctgtc	tgagaaatat	840	
aaaaaactgg	ttctgaggat	tccaaacaga	ggcattgatt	tactgaaaaa	agataaatcc	900	
cgaaaaagat	cttactctcc	agatggcaaa	gaatctccaa	gtgataagaa	atccaaaact	960	
gatgggtccc	agaagactga	gagttcaacc	gaagtaaaga	acaagaagag	aagtccggtg	1020	50
aagatggtga	gaaagacaca	aaggatgacc	agacagagca	ggaacctaat	atgcttcttg	1080	
aatctgaaga	tgagctactt	gtagatgaag	aagaagcagc	agcactgcta	gaaagtggca	1140	
gttcagtggg	agacgagacc	gatcttgcta	atcttaggtga	tgtggcttct	gatgggaaaa	1200	
aggaaccatc	agataaagct	gtgaaaaaag	atggaaagtgc	ttcagcagca	gcaaagaaaa	1260	55
agcttaaaaa	ggtggacaag	atcgaggaac	ttgatcaaga	aaacgaagca	gcgttgga	1320	
atggaattaa	aaatgaggaa	aacacagaac	caggtgctga	atcttctgag	aacgctgatg	1380	
atcccaacaa	agatacaagt	gaaaacgcag	atggtcaaag	tgatgagaac	aaggacgact	1440	
atacaatccc	agatgagtat	agaattggac	catatcagcc	caatgttctt	gttggtatag	1500	
actatgtgat	acctaaaaca	gggttttact	gtaagctgtg	ttcactcttt	tatacaaatg	1560	60
aagaagttgc	aaagaatact	cattgcagca	gccttcctca	ttatcagaaa	ttaaagaaat	1620	
ttctgaataa	attggcagaa	gaacgcagac	agaagaagga	aacttaagat	gtgcaaggag	1680	
attttaatgat	ttcaaagaaa	ataatgggtc	tttggttttta	atgttaacct	tttttaataa	1740	
caatactgat	agttagaaga	aaactattgt	actcttttgt	tttagtggag	aaataataga	1800	
tgtctgttca	tgtgttaagt	gttatagcaa	aaaaaataca	catatggtta	agttaatgaa	1860	65

```

tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaa1980
atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
5 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
agactttcat ttggagtttg aacccgtttt gggtgcattt catttttgga gaacttaatt2160
aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgttggtt2220
aggtaataag aaatattaag taattggcctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
10 tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgcccat aatcctagat2520
gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
15 aatttggtgt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
ctgaagtgaa taccaataaa aagaaaacc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
gaatgttaac caaaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815
20

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgogac acggcagggt 120
55 cccgcccgga agaagcgacc aaagcgcttg aggaccggca acatgggtgcg gtcggggaat 180
aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacagggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtcctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
60 cccctttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcatattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
65 ttctcacttg gcaaggaaga tggaagtggg gacagaggag atggcccctt tcgcttaggt 720
ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaaaa tgggtgatgat atcttttagaa ggtgaagatg ggttggtatga aatttattca 840

```


ttcagtgaga	gtctgagaaa	actgtgcgtc	ttcaagaaaa	ttgagaggca	ttccattcac	900
tggccctgcc	gactgacccat	tggctccaat	ttgtctataa	ggattgcagc	ctataaatcg	960
attctacagg	agagagttaa	aaagacttgg	acagttgtgg	atgcaaaaac	cctaaaaaaa	1020
gaagatatac	aaaaagaaac	agttttattgc	ttaaatgatg	atgatgaaac	tgaagtttta	1080
aaagaggata	ttattcaagg	gttccgctat	ggaagtgata	tagttccttt	ctctaaagtg	1140
gatgaggaac	aaatgaaata	taaatcggag	gggaagtgct	tctctgtttt	gggattttgt	1200
aaatcttctc	aggttcagag	aagattcttc	atgggaaatc	aagttctaaa	ggtctttgca	1260
gcaagagatg	atgaggcagc	tgcagttgca	ctttcctccc	tgattcatgc	tttggtatgac	1320
ttagacatgg	tggccatagt	tcgatatgct	tatgacaaaa	gagctaatac	tcaagtcggc	1380
gtggcctttc	ctcatatcaa	gcataactat	gagtgtttag	tgtatgtgca	gctgcctttc	1440
atggaagact	tgcggcaata	catgttttca	tccttgaaaa	acagtaagaa	atatgctccc	1500
accgaggcac	agttgaatgc	tgttgatgct	ttgattgact	ccatgagcct	ggcaaagaaa	1560
gatgagaaga	cagacaccct	tgaagacttg	tttccaacca	ccaaaatccc	aaatcctcga	1620
tttcagagat	tatttcagtg	tctgctgcac	agagctttac	atccccggga	gcctctaccc	1680
ccaattcagc	agcatatttg	gaatatgctg	aatcctcccg	ctgaggtgac	aacgaaaagt	1740
cagattcctc	tctctaaaaat	aaagaccctt	tttctcttga	ttgaagccaa	gaaaaaggat	1800
caagtgactg	ctcaggaaat	tttccaagac	aaccatgaag	atggacctac	agctaaaaaa	1860
ttaaagactg	agcaaggggg	agcccacttc	agcgtctcca	gtctggctga	aggcagtgct	1920
acctctgttg	gaagtgtgaa	tcctgctgaa	aacttccgtg	ttctagtga	acagaagaag	1980
gccagctttg	aggaagcgag	taaccagctc	ataaatcaca	tcgaacagtt	tttggtact	2040
aatgaaacac	cgtattttat	gaagagcata	gactgcaccc	gagccttccg	ggaagaagcc	2100
attaagtttt	cagaagagca	gcgctttaac	aacttcttga	aagcccttca	agagaaagt	2160
gaaattaaac	aattaaatca	tttctgggaa	attgtttgtc	aggatggaat	tactctgatc	2220
accaaagagg	aagcctcttg	aagttctgtc	acagctgagg	aagccaaaaa	gtttctggcc	2280
cccaaagaca	aaccaagtgg	agacacagca	gctgtatttg	agaaggtgg	tgatgtggac	2340
gatttatttg	acatgatata	ggtcgtggat	gtatggggaa	tctaagagag	ctgccatcgc	2400
tgtgatgctg	ggagttctaa	caaaacaagt	tggatgcggc	cattcaaggg	gagccaaaat	2460
ctcaagaaat	tcccagcagg	ttacctggag	gcggatcatc	taattctctg	tggaatgaat	2520
acacacatat	atattacaag	ggataattta	gaccccatat	aagtttataa	agagtcattg	2580
ttattttctg	gttggtgtat	tattttttct	gtggtcttac	tgatctttgt	atattacata	2640
catgctttga	agtttctgga	aagtagatct	tttcttgacc	tagtatatca	gtgacagttg	2700
cagcccttgt	gatgtgatta	gtgtctcatg	tggaaccatg	gcatggttat	tgatgagttt	2760
cttaaccctt	tccagagtcc	tcctttgcct	gatcctccaa	cagctgtcac	aacttgtggt	2820
gagcaagcag	tagcatttgc	ttcctcccaa	caagcagctg	ggttaggaaa	accatgggta	2880
aggacggact	cacttctctt	tttagttgag	gccttctagt	taccacatta	ctctgcctct	2940
gtatataggt	ggttttcttt	aagtgggggtg	ggaaggggag	cacaatttcc	cttcatactc	3000
cttttaagca	gtgagttatg	gtggtggtct	catgaagaaa	agaccttttg	gccaatctc	3060
tgccatatca	gtgaaccttt	agaaactcaa	aaactgagaa	atttactaca	gtagttagaa	3120
ttatatcact	tcactgttct	ctacttgcaa	gcctcaaaga	gagaaagttt	cgttatatta	3180
aaacacttag	gtaacttttc	ggtctttccc	atttctacct	aagtcagctt	tcacttttgt	3240
ggatgggtgc	tcctttacta	aataagaaaa	taacaaagcc	cttattctct	ttttttcttg	3300
tcctcattct	tgccttgagt	tccagttcct	ctttgggtgta	cagacttctt	ggtacccagt	3360
cacctctgtc	ttcagcaccc	tcataagtcg	tcactaatac	acagttttgt	acatgtaaca	3420
ttaaaggcat	aaatgactca	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aa		3462

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```

atagggccgg tgcctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180
cagagctgaa ggccgagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
gccccggcag cacgggtcctg ctgggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgtgggggga gtacggcctc aagcccctga540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
gaaaaaaaa                                     668

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

ggaaaccggg ctcattgaac tcgcctgcag ctcttggggt ttttgtggct tccttcgtta 60
ttggagccag gcctacaccc cagcaaccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct120
tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaal80
tgatcagggg aaccgaacca ctccaagcta tgtcgccctt acggacactg aacggttgat240
cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgcca300
acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc360

```

```

ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac420
caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatgggtctg acaaagatga aggaaattgc480
agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgcttggtgt cacagtgcc a gcttacttta540
atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggc tgcaatgtac600
tttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcctggtaa tttctttacg ggtttgggca660
aaaaaagggt t                                     671

```

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1121 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87:

40

```

gggggatagc ctcggtgtca gccatctttc aattgtgttc gcagccgcgc cgcgcgcgcc 60
gtcgctctcc aacgccagcg ccgcctctcg ctcgccgagc tccagccgaa ggagaagggg 120
ggtaagtaag gaggtctctg taccatggct cgtacaaagc agactgccgc caaatcgacc 180
ggtggtaaag caccagga gcaactggct acaaaagccg ctgcgaagag tgcgccctct 240
actggagggg tgaagaaacc tcatcggtac aggcctggta ctgtggcgct ccgtgaaatt 300
agacgttatc agaagtccac tgaacttctg attcgcaaac ttcccttcca gcgtctgggtg 360
cgagaaattg ctcaggactt taaaacagat ctgcgcttcc agagcgcagt atcggtgctt 420
tgcaggaggc aagtgaggcc tatctggttg gcctttttga agacaccaac ctgtgtgcta 480
tccatgccaa acgtgtaaca attatgccaa aagacatcca gctagcacgc cgcatacgtg 540
gagaacgtgc ttaagaatcc actatgatgg gaaacatttc attctcaaaa aaaaaaaaaa 600
aaaattttct ttcttcctgt tattggtagt tctgaacggt agatattttt tttccatggg 660
gtcaaaagggt acctaagtat atgattgcga gtggaaaaat aggggacaga aatcaggtat 720
tggcagtttt tccattttca tttgtgtgtg aatttttaat ataaatgcgg agacgtaaag 780
cattaatgca agttaaaatg tttcagtgaa caagtttcag cggttcaact ttataataat 840
tataaataaa cctgttaaat ttttctggac aatgccagca tttggatttt tttaaaacaa 900
gtaaattttc tattgatggc aactaaatgg tgtttgtagc atttttatca tacagtagat 960
tccatccatt cactatactt ttctaactga gttgtcctac atgcaagtac atgttttttaa1020
tgttgtctgt cttctgtgct gttcctgtaa gtttgctatt aaaatacatt aaactataaaa1080
aaaaaagaag aagaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     1121

```

45

50

55

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

agtggaggag ggagagacgc tggcccgga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
agtcgccaca cctttgcccc tgctgcatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgtaga cttctttggg aatgggccac 240
cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcggggggc cctgaagaag tccaatgcac 300
cgcttgctca tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtgc 420
cctacggaaa cgcacaggaa caaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
cactatgcct gcagctctac gcccaggggc tgcgccaga cactatcatg gactgtgcaa 660
tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcca gcggacagat gctctccagc 720
caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgga gatcagaccc 780
agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccgatgtc tgcccttcct 840
caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

```

aaagcagccg cgggcgcccg gtgcctcaca gcacgctgcc acgcogacgc agacccctct 60
ctgcacgcca gcccgcccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
cgcttggtgg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgtga tggtaaaaac240
ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgtac cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

```

20

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 837 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcatgtctc acaccatitt gctggtacag120
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420

```

60

65

```

cactggggggg gttgggggtgg gcttggaaca caggtgctga cagcgtgctg tagtggaagt480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540
gatgaaatgt gaggatcctg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600
5 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
tcacttaatg ttgggtccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

```

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgacg gtggcgtttc cttgaggaag agtgagggtt 60
45 ccaacttttc tgcttatctg ggagggtgtg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatggtta300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
50 taatacatte tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
gaaagagaaa aattgcgg 498

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

65

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggctcgagc tgggtacaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacagggtttg cttggggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttccctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaaata aatgcaattg 180
tgctcttcat ttaggatgct ttcatgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattht agaattggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatc 480
aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg catthttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
tatttttaaag gtaaaacatg ctgggtgaacc aggggtgttg atgggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaatatga gtttggaata agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttgacttaa tgtcttttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
agaaaagatt atatatatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattha tatttattha tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatcccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaactg gactacttta 1020
tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1755 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

5

```

cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtgacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
acacagaagc atggaattac acaagcaa atgaactgtga acctaactga gttctttgtg 240
aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
gacggtatca aatatattat gattttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
tcgattcctc tcttgattaa tcatcttcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420
gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
gctgcagaaa tcgcaccgtt tggtgagatt ctgctaacaa accctttcaa agctctcaca 540
cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660
ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720
tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aaccctgctg ctgttgtaaa ttttgaggag 780
gctttgtttt tgggtgtttac tgaaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcctat 900
atggccttat ttctctatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgtc 1020
gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
aatgaccacc aagggttttta tcttctaaac agtataatag agcacatgcc tcttgaatca 1140
gttgaccaat ataggaaaca aatcttcaat ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg 1320
gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
gcggttggca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccaa tgatggacac tgagtatacc 1440
aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggtca aatgggtgaat 1620
aaccacaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740
tagtagtagt tctgg
1755

```

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

gttcggcgag	cgagcacctt	cgacgcggtc	cggggacccc	tcgtcgctgt	cctcccgcgc	60	
cggacccggt	gccccaggct	cgcgctgccc	ggcaggggtgc	tcgtgtccca	ctcccggcgc	120	
acgcctcccg	cgagtcccgg	gcccctcccg	cgcacctctt	ctcggcgcg	gcgcagatgg	180	
gcgccccgc	aggtcctcgc	gttcgggctt	ctgcttgccg	cggcgacggc	gacttttgcc	240	
gcagctcagg	aagaatgtgt	ctgtgaaaac	tacaagctgg	ccgtaaactg	ctttgtgaat	300	
aataatcgtc	aatgccagtg	tacttcagtt	ggtgcacaaa	atactgtcat	ttgctcaaag	360	10
ctggctgcca	aatgtttggt	gatgaaggca	gaaatgaatg	gctcaaaact	tgggagaaga	420	
gcaaaacctg	aaggggccct	ccagaacaat	gatgggcttt	atgatcctga	ctgcgatgag	480	
agcgggctct	ttaaggccaa	gcagtgcac	ggcacctcca	tgtgctgggtg	tgtgaacact	540	
gctgggggtca	gaagaacaga	caaggacact	gaaataacct	gctctgagcg	agtgagaacc	600	15
tactggatca	tcattgaact	aaaacacaaa	gcaagagaaa	aaccttatga	tagtaaaagt	660	
ttgcggactg	cacttcagaa	ggagatcaca	acgcgttatc	aactggatcc	aaaattttatc	720	
acgagtattt	tgtatgagaa	taatgtttatc	actattgatc	tgggttcaaaa	ttctttctcaa	780	
aaaactcaga	atgatgtgga	catagctgat	gtggcttatt	attttgaaaa	agatgtttaa	840	
ggtgaatcct	tgtttcattc	taagaaaatg	gacctgacag	taaatgggga	acaactggat	900	20
ctggatcctg	gtcaaaacttt	aattttattat	gttgatgaaa	aagcacctga	attctcaatg	960	
cagggctctaa	aagctgggtg	tattgctggt	attgtgggtg	tggatagc	agttgttgct	1020	
ggaattgttg	tgctgggttat	ttccagaaag	aagagaatgg	caaagtatga	gaaggctgag	1080	
ataaaggaga	tgggtgagat	gcatagggaa	ctcaatgcat	aactatataa	tttgaagatt	1140	
atagaagaag	ggaaatagca	aatggacaca	aattacaaat	gtgtgtgcgt	gggacgaaga	1200	25
catctttgaa	ggtcatgagt	ttgttagttt	aacatcatat	atttgtaata	gtgaaacctg	1260	
tactcaaaat	ataagcagct	tgaactggc	tttaccaatc	ttgaaatttg	accacaagtg	1320	
tcttatatat	gcagatctaa	tgtaaaatcc	agaacttgga	ctccatcggt	aaaattattt	1380	
atgtgtaaca	ttcaaatgtg	tgcattaaat	atgcttccac	agtaaaatct	gaaaaactga	1440	30
tttgtgattg	aaagctgcct	ttctattttac	ttgagtcctg	tacatacata	cttttttatg	1500	
agctatgaaa	taaaacattt	taaactgaaa	aaaaaaaaaa	aaggc		1545	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

```

gcgcggtatt atcgggtaga catctcgac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgcagc 60
atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatTT 120
gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180
5 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggT 240
aatggcacia ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300
cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggct 360
atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
aagaagttga tgaaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatggTcaa gtaaactatg 480
10 aagagtttgt acaaatgatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540
ttgtacaaaa ttgtttatTT gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600
cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660
cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720
15 gttgcatgtg gcttactctg gggaaatatc taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780
gagttggTca aatgagggga catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttagga 840
actgtcagca tgttggtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900
aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960
cactatTTtt ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct1020
20 ttttaaaactt ggttttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat1080
tccaagttgt atatttgttt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 791 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

gcccgcgcg cggacccggc gagaggcggc ggcgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
tttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaatg gggggggagg cacccgagct180
ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcgggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
60 agactcccc cgagaggtct ttttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgTcg cccttttcta ctttgccagc aaactggTgc tcaaggccct420
gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg480
ggagcgggctg ttgggctgga tccaagacca gggTggTtgg gacggcctcc tctcctactt540
tgggaagccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgTggcg ggagtgtca ccgcctcact600
65 caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttcttcca660
taaattatgg catTTTTctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720
tttgtaatta ttggggggTg tggggaagag tggTcttgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttcccccttc ctgggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120
tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gaggccaga gtgactggca180
gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttggtggc atcaaagctc tggatcctgt240
tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300
tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcagc gtgacttgaa360
gtgttgcatg ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttcccct gtgaaagctt gattcctgcc420
atatggagga ggctctggag tcctgctctg tgtggtccag gtcctttcca ccctgagact480
tggctccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaaa 599

```

35

40

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

```

gggcccgcgg ctcggggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggaacc 60
cgagcaggac tctccagtc tccagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
atctttttcca actccaaggt gccatggcag agaaggtgct ggtaacaggt ggggctggct180
acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggctgg ctacttgct gtggcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300
aggagctgac aggccgctct gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgcg gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcgggtgcag aagcctcttg attattacag agttaacctg accgggacca480
tccagcttct ggagatcatg aaggcccacg ggggtgaagaa cctgggtgttc agcagctcag540
ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacgggggtg600
ggatgtaaca acottacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcaciaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacatttc360

```


aacaaattgt	gtacaagata	aattaatctc	actatgaaga	tttgaataac	tagacattat	420	
ttatgctgcc	aaactcattt	gttgcagttg	tttgtaatgt	ctagtggggc	ttcatcatcc	480	
tgaaaagaag	gagacaggga	ttttttttaa	gagcaagaaa	gtcacaatat	tacttctttc	540	
cttccttttt	tccttctttc	ctttctttct	tctctttctt	tcttttttaa	atatattgaa	600	5
gacaaccaga	tatgtatttg	ctactcaagt	gtacagatct	cctcaagaaa	catcaaggga	660	
ctcctgtgtc	acatactgtg	tttttatatt	aacatgggtg	agggaggcga	cctgatcagg	720	
ggaggtgggg	gtacacatca	atttgagttg	ttcaggctac	tgaaacatta	aaatgtgaat	780	
tcccaaactt	ttcttttttg	cattgttcgg	gggataggga	aatatcgttt	ttaaaggagt	840	10
cttggaatt	gggtgtggga					860	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

cggggctcgc	ccagcctggg	ccgggggagag	gactggctgg	gcagggggcgc	cgccccgcct	60	
cgggagaggc	gggcccggcg	gggctgggag	tatttgaggc	tcggagccac	cgccccgccg	120	
gcgcccgcag	cacctcctcg	ccagcagccg	tccggagcca	gccaacgagc	ggaaaatggc	180	
agacaatttt	tcgctccatg	atgcgttatc	tgggtctgga	aaccocaaacc	ctcaaggatg	240	
gcctggcgca	tgggggaacc	agcctgctgg	ggcagggggc	taccagggg	cttcctatcc	300	
tggggcctac	cccgggcagg	cacccccagg	ggcttatcct	ggacaggcac	ctccaggcgc	360	50
ctaccctgga	gcacctggag	cttatcccgg	agcacctgca	cctggagtct	acccagggcc	420	
acccagcggc	cctggggcct	acccatcttc	tggacagcca	agtgccaccg	gagcctaccc	480	
tgccactggc	ccctatggcg	cccctgctgg	gccactgatt	gtgccttata	acctgccttt	540	
gcctggggga	gtggtgcctc	gcatgctgat	aacaattctg	ggcacgggtg	agcccaatgc	600	55
aaacagaatt	gcttttagatt	tccaaagagg	gaatgatgtt	gccttccact	ttaaccacag	660	
cttcaatgag	aacaacagga	gagtcattgt	ttgcaataca	aagctggata	ataactgggg	720	
aagggaagaa	agacagtcgg	ttttcccatt	tgaaagtggg	aaaccattca	aaatacaagt	780	
actggttgaa	cctgaccact	tcaaggttgc	agtgaatgat	gctcacttgt	tgcagtacaa	840	
tcatcggggt	aaaaaactca	atgaaatcag	caaactggga	atttctgggt	acatagacct	900	60
caccagtgtc	tcatatacca	tgatataatc	tgaaaggggc	agattaaaaa	aaaaaaaaa	960	
atctaaacct	tacatgtgta	aaggtttcat	gttcactgtg	agtgaaaatt	tttacattca	1020	
tcaatatccc	tcttgtaagt	catctactta	ataaatatta	cagtgaaaaa	aaaaaaaaaa	1080	
aaaaaaaaaa	gtcgaaaaag	gaggggggaag	gagagagagg	gaagaagaga	gaggagaagg	1140	
aggggggggg	tgggt					1155	65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

aaaaatatatt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccggccac 60
attcagtttct tatcaaagaa ataaccacaga cttaatcttg aatgatacga ttatgcccaa120
tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct180
gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca240
ctttttgttg ggcaatatga aattttttaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac300
tgccctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta360
atgtgattaa tttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaatatgt aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaca480
ttctaattaa aggctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1628 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

5

ccagctcgcc	ctgcctagcc	aggggcgccc	cgccccctgc	ctgcccggcc	accttcggga	60	
gccgcttcca	ataggcggtc	gccattggct	ctggcgacct	ccgcgcgttg	ggagggtgtag	120	10
cgcggtcttg	aacgcgctga	gggcocttga	gtgtcgacag	cggcgagggc	gcgagttagg	180	
agcagaccca	ggcatcgccg	gccgagaagg	ccgggcgtcc	ccacactgaa	gggccggaaa	240	
ggcgacttcc	gggggctttg	gcacctggcg	gacctcccgc	gagcgtcggc	acctgaacgc	300	
gaggcgctcc	attgcgcgtg	cgcgcttgagg	ggcttcccgc	acctgatcgc	gagaccccaa	360	
cggctgggtg	cgtcgccctgc	gcgtctcggc	tgagctggcc	atggcgcagt	gtgcgggctg	420	15
aggcggagcg	ggcgctttctc	gccctgctgg	gatcgctgct	cctctctggg	gtcctggcgg	480	
ccgaccgaga	acgcagcatc	cacgacttct	gcctgggtgc	gaagggtggtg	ggcagatgcc	540	
gggcctccat	gcctagggtg	tggtacaatg	tcaactgacg	atcctgccag	ctgtttgtgt	600	
atgggggctg	tgacggaaac	agcaataatt	acctgaccaa	ggaggagtgc	ctcaagaaat	660	20
gtgccactgt	cacagagaat	gccacgggtg	acctggccac	cagcaggaat	gcagcggatt	720	
cctctgtccc	aagtgtctcc	agaaggcagg	attctgaaga	ccactccagc	gatatgttca	780	
actatgaaga	atactgcacc	gccaacgcag	tcaactgggc	ttgccgtgca	tccttcccac	840	
gctggtactt	tgacgtggag	aggaactcct	gcaataactt	catctatgga	ggctgccggg	900	
gcaataagaa	cagctaccgc	tctgaggagg	cctgcatgct	ccgctgcttc	cgccagcagg	960	25
agaatcctcc	cctgcccctt	ggctcaaagg	tggtgggtct	ggcggggctg	ttcgtgatgg	1020	
tgttgatcct	cttcctggga	gcctccatgg	tctacctgat	ccgggtggca	cggaggaacc	1080	
aggagcgtgc	cctgcgcacc	gtctggagct	ccggagatga	caaggagcag	ctggtgaaga	1140	
acacatatgt	cctgtgaccg	ccctgtcgcc	aagaggactg	gggaaggagg	gggagactat	1200	
gtgtgagctt	tttttaaata	gagggattga	ctcggatttg	agtgatcatt	agggtgagg	1260	30
tctgtttctc	tgggaggtag	gacggctgct	tcctgggtctg	gcagggatgg	gtttgctttg	1320	
gaaatcctct	aggaggctcc	tcctcgcagt	gcctgcagtc	tggcagcagc	cccagattgt	1380	
ttcctcgtg	atcgatttct	ttcctccagg	tagagttttc	tttgcttatg	ttgaattcca	1440	
ttgcctcttt	tctcatcaca	gaagtgatgt	tggaatcggt	tcttttggtt	gtctgattta	1500	
tggttttttt	aagtataaac	aaaagttttt	tattagcatt	ctgaaagaag	gaaagtaaaa	1560	35
tgtacaagtt	taataaaaag	gggccttccc	ctttagaata	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1620	
aaaaaaaaaa						1628	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 605 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

```

5  cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacagc 60
   actggcttta tctcctgact cacgggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtcctcc120
   ccagcgcttg gaatectacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
   ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
   cgctcctgggc tggctggccg tcatgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
10  cttcatcggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
   cgtgggtgcag agcaccggcc agatgcagtg caagggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
   gcaggacctg caggcggccc gcgcctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480
   cgtgctgctg tccgtggtgg gggcggaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
   ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600
15  ggggtg                                     605

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104:

```

50  ctcgagccga ttccggctcga gccgctcctg cagctcttct cacaggacca gccactagcg 60
   cagctcgagc gatggcctat gtccccgcac cgggctacca gccacactac aaccgcagcg 120
   tgccttacta ccagcccatc ccgggcgggc tcaacgtggg aatgtctgtt tacatccaag 180
   gagtggccag cgagcacatg aagcggttct tcgtgaactt tgtggttggg caggatccgg 240
   gctcagacgt cgccttccac ttcaatccgc ggtttgacgg ctgggacaag gtggtcttca 300
   acacgttgca gggcggggaag tggggcagcg aggagaggaa gaggagcatg cccttcaaaa 360
55  aggggtgccgc ctttgagctg gtcttcatag tcctggctga gcactacaag gtggtggtaa 420
   atggaaatcc cttctatgag tacgggcacc ggcttccct acagatggtc acccacctgc 480
   aagtggatgg ggatctgcaa cttcaatcaa tcaacttcat cggaggccag cccctccggc 540
   ccaggggacc ccgatgatg ccaccttacc ctggtcccg acattgccat caacagctga 600
   acagcctgcc caccatggaa ggacccccaa ccttcaaccc gcctgtgcca tatttcggga 660
60  ggctgcaagg agggctcaca gctcgaagaa ccatcatcat caagggtat gtgcctocca 720
   caggcaagag ctttgctatc aacttcaagg tgggctcctc aggggacata gctctgcaca 780
   ttaatccccg catgggcaac ggtaccgtgg tccggaacag ccttctgaat ggctcgtggg 840
   gatccgagga gaagaagatc acccacaacc catttggtcc cggacagttc tttgatctgt 900
   ccattcgctg tggcttgat cgttcaagg tttaagccaa tggccagcac ctctttgact 960
65  ttgcccatcg cctctcggcc ttccagaggg tggacacatt ggaaatccag ggtgatgtca1020
   ccttgtccta tgtccagatc taatctattc ctggggccat aactcatggg aaaacagaat1080
   tatcccctag gactcctttc taagccccta ataaaatgtc tgagggtgtc tcatgaaaaa1140
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1183

```


2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

aggggggcg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtgggtc 180
gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgtggt 240
actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggccgcaacc 300
ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggcogtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
aacatgcccc tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtgga atctttggaa caggaagcag 600
ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtgggaagg atgctcaatg 660
accgcgcgcg cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
ctcgtcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
acaccctaaa gcatttctgag catgtgcgca tgggtggatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
ggtcccagggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgat gagctgcttc 960
agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca 1020
gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
ttcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg 1140
actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccg cctgctgccg 1200
accgaggact gaccactcga ccaggttctg gggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
ctgaagttaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa 1320
aattgggtgt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
tgggcggtgt tgtcatagcg acagtgatcg tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac 1440
agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
tcactacca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680

```

```

tttactcatt atcgccctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaa1740
ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggtctc tatactacat1800
tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagtg catgaataga1860
5 tttctctcctg attatttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtgggttt1920
gtgacccaat taagtcctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt1980
gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgatc actatgcatt2040
ttaaagttaa acattttttaa gtattttcaga tgcttttagag agattttttt tccatgactg2100
catttttactg tacagattgc tgcttctgct atattttgtga tataggaatt aagaggatac2160
10 acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct2220
tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg2280
taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat2340
tctccaaaac aatttttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct2400
15 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg2460
aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaatttttg gtggggagaa gaggcagatt2520
caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgataca aaagaagatg aaaatggaag2580
tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct2640
tcaatttgta taaaatgggtg ttttcatgta aataaataca ttcttgagg agccaaaaaa2700
20 aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c 2731

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

```

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
    (B) TYP: Nukleinsäure
    (C) STRANG: einzel
    (D) TOPOLOGIE: linear
30
    (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
35 hergestellt partielle cDNA
    (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
40
    (iii) ANTI-SENSE: NEIN
    (vi) HERKUNFT:
    (A) ORGANISMUS: MENSCH
    (C) ORGAN:
45
    (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
50
    (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:
55 gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatac aactaatgcc accaccaagg 240
cggctggttg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttctg ggtctcactc tctcttctgc 300
60 atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaattttccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcacogaat 420
ctactaatc cacacotttt attgacacag aaaatggtga gaatcccaa tttgattgat 480
ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
65 tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780

```


gtgttactgt	aattcctcaa	cgtattgttt	cgacagcact	aatttaaatgc	cgatatactc	840	
tagatgaagt	tttacattgt	tgagctattg	ctgttctctt	gggaactgaa	ctcactttcc	900	
tcctgaggct	ttggatttga	cattgcattt	gaccttttat	gtagtaattg	acatgtgcca	960	
gggcaatgat	gaatgagaat	ctacccccag	atccaagcat	cctgagcaac	tcttgattat	1020	5
ccatattgag	tcaaatggta	ggcatttcct	atcacctgtt	tccattcaac	aagagcacta	1080	
cattcattta	gctaaacgga	ttccaaagag	tagaattgca	ttgaccgcga	ctaatttcaa	1140	
aatgcttttt	attattatta	tttttttagac	agtctcactt	tgtcgcccag	gccggagtgc	1200	
agtgggtgca	tctcagatca	gtgtaccatt	tgcctcccgg	gctcaagcga	ttctcctgcc	1260	10
tcagcctccc	aagtagctgg	gattacaggg	acctgccacc	atgcccggt	aatttttgta	1320	
attttagtag	agacagggtt	tcaccatgtt	gccagggctg	gtttcgaact	cctgacctca	1380	
ggtgatccac	ccgcctcggc	ctcccaaagt	gctgggatta	caggcttgag	ccccgcgcc	1440	
cagccatcaa	aatgcttttt	atttctgcat	atgttgaata	cttttttaca	tttaaaaaaa	1500	
tgatctgttt	tgaaggcaaa	attgcaaata	ttgaaattaa	gaaggcaaaa	atgtaaagga	1560	15
gtcaaaaacta	taaatcaagt	atttggaag	tgaagactgg	aagctaattt	gcattaaatt	1620	
cacaaacttt	tatactcttt	ctgtatatac	attttttttc	tttaaaaaac	aactatggat	1680	
cagaatagcc	acatttagaa	cactttttgt	tatcagtcaa	tattttttaga	tagttagaac	1740	
ctggctcctaa	gcctaaaagt	gggcttgatt	ctgcagtaaa	tctttttaca	ctgcctcgac	1800	
acacataaac	cttttttaaaa	atagacactc	cccgaagtct	tttggttcgca	tggtcacaca	1860	20
ctgatgctta	gatgttccag	taatctaata	tggccacagt	agtcttgatg	accaaagtcc	1920	
ttttttttcca	tcttttagaaa	actacatggg	aacaaacaga	tcgaacagtt	ttgaagctac	1980	
tgtgtgtgtg	aatgaacact	cttgctttat	tccagaatgc	tgtacatcta	ttttggattg	2040	
tatatgtgtg	ttgtgtattt	acgctttgat	tcatagtaac	ttcttatgga	attgatttgc	2100	25
attgaacaca	aactgtaaat	aaaaagaaat	ggctgaaaga	gcaaaaaaaa	aggaaagaaa	2160	
aaagaaaaaa	aaaagaaaaa	aaaaaggggg	aggc			2194	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1812 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

cggaagggtg	accttgatg	aattttgacg	agaacaagtt	cgtggaccga	agaagatggg	60	
ggccgcacgc	ccaggcccgg	gccccgacga	ggccgagggtg	gacacctgcc	ccctgcgcaa	120	
aggaaacatg	aaacagaccc	tacaggcagc	tctgaagaac	ccccctatca	acaccaagag	180	
tcaggcagtg	aaggaccggg	caggcagcat	tgtcttgaag	gtgctcatct	cttttaaaagc	240	
taatgatata	gaaaaggcag	ttcaatctct	ggacaagaat	ggtgtggatc	tcctaatagaa	300	65
gtatatattat	aaaggatttg	agagcccgtc	tgacaatagc	agtgctatgt	tactgcaatg	360	
gcatgaaaag	gcacttgctg	ctggaggagt	agggctccatt	gttcgtgtct	tgactgcaag	420	

```

aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600
5 tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagtttaatt 720
gtgcaacttt taaccctgt tggctggttt ttgttctgt ttgtttttgt attattttta 780
actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
10 atatttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960
tgccaagtta tagctttgtt ttgtcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggccctcaa tttatttgtg gtcacccagg1080
gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttggttg1140
15 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaataca1200
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtgta atttaaactc tgggcagcct1260
ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaa atgtctcagt ttcttcagg1380
tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440
20 tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttgga1500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc1560
tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620
gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg1680
25 ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttggt ttgtaaaaat gataaaactt1740
cagaaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800
atttcgactt gg 1812

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
65 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg360

```

```

agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
gtacccactt ggggggttgg ggtaatatcc tgtggctctc agccctgtac cttataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109:

```

ggcggggccg gggcgagtga gagccggacg ggcactgggc gactctgtgc ctgctgagg 60
aaaaataagt aaagatgggt aaaggagatc ctaagacgcc gagaggcaaa atgtcatcat120
atggatttgt tgtggaaact tgtggggagg ggctaagagg aagcagccag atgcttcagt180
caacttgta gagttttcta agaagtggc agagaggtgg aagagcatgt gtgctaaaga240
gaaagggaaa ttgaggata tgggaaaagc ggac 274

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```

15
ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
accttttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgatttattg tggtgacaat 180
20 tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtggcca aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaatggaa aacagatatc aggatttggg aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
tttgaatgcg ataaggggtt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
agtacttggg atccccccagt tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
25 ccaggatata ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgcc 720
30 agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagttgtt attctgtagt ttcactctca 780
tgagtgcac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaatgtaggt agcatccttt 840
gatgcttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
taacacttag atttattgga ccagtcagca cagcatgcct ggttgtatta aagcagggat 960
atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaaatg aaattatatt 1020
35 ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaa 1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt 1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
aatatgcaca aacttggctt ctttaaccaa gaatattatt ggaaaattct ctaaaagtta 1260
atagggtaaa ttctctatct tttgtaattg gttcgggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
40 atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
ttcagaatca gatgcatact ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
tgccacttca tgggtgcgaag tgaacactgt agtcttggtt ttttcccaaa gagaactccg 1500
tatgttctct taggttgagt aacccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
45 tccttaaata aagagagggg ttaaaccatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat 1620
aaattcatca gataacctca agtcacatga gaatcttagt ccatttacat tgccttggct 1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaaagtaa 1740
gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatctt ctggttgattg taccaaggga 1800
tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac 1860
50 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc 1920
cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttccttt 2100
cctttgtagt ctctggcaag atgctttagg aagataaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
55 attctgaatt aagcacagag ttgaagttta taccggtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
gcaattacta agaagcagat aatgggtgtt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc 2340
acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta 2400
ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
60 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa 2580
atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 976 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
cgtcacatcg gtgggtcggtg tggccctcgt cgcgggcatg gccgtcctgg tgatcaccaa120
ccggagaaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggt240
atcgtcccag acccaagtga gtcaagcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accagggtta atagatcctg360
gcctcagggg ctccctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaagtatg ttagatggga aatagcgttg ttatcgccct600
gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccggagga gaagaggagt660
ttgttaactg ggccatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgcctttgag780
gacagacatt gcccggaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa aaaaac

```

30

35

40

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1427 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

15      cttccgggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
      actccctcag ggcctgtggt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
      ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
20      gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggtagat 240
      ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
      gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgcaa atttgaagaa 360
      gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
      attactgaat ttagatttgt gcctagtgtat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
25      atgtgcgaat gccaggcctt gcacccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
      ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
      acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
      gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
30      gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
      cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
      cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
      ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
      aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaacttga tgaattaact1020
35      taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc1080
      tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcatc atttgtaagc tagcagatct1140
      atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctccctttcgc1200
      catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
      taggttagtt tctgtaacag aacaagtgag tctgggatga agtcctcaa gtacttcaaa1320
40      tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaaataaac ctaggttttc tatattaaaa1380
      aaaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

5

tccctatctt	acccttcccg	attctccttt	tttcttttct	ttttttatat	ggctttcttc	60	
ttttctttct	ttcttttttc	ttcccccttt	tatttgacca	gtgtaaataa	caaacattta	120	10
ttggtgtcac	ttatggtaga	aaaaacttcc	tacaccagat	gcacatgacc	cagttgttaa	180	
atagaacatt	ttgaagggtga	acacacaccc	taacccaggt	tttttaccgg	ctttttaaga	240	
tggccaattc	ttcttctccc	ccccacccaa	agacatgtga	gcaactgcta	atgaaaagca	300	
gtaaacagcc	gcttaggcta	tagcagtttc	aactccactc	tgagggtgaag	attccaatta	360	
cattcgagac	ttaagttctt	tcaatttttt	cctaacaaaa	gttcctgagt	ccagtattta	420	15
caatattaca	gcactagcag	atcagtgtct	acaactcatc	tttttctgct	gtatcctctt	480	
caccagttgg	gggagggcct	gcacttccat	agagtttgct	gataattggg	tgaacaattt	540	
cttccagttc	cttcttctta	gctttgaagt	cttcaatgtc	agcatcttgg	tggctttcca	600	
gccattcaat	cttttcttct	acagcttttt	ccatgggtctc	cttatcttca	gaggaaagtt	660	
tacctcccag	cttttcttta	tctccaatct	gattcttttag	agaataggca	tagctttcca	720	20
actcatttct	agtatcaatg	cgctccttga	gctttttgtc	ttcctcagca	aacttctcag	780	
catcattaac	catcctttcg	atttcttcag	gtgtcaggcg	attctgggtca	ttgggtgattg	840	
tgatcttatt	tttggtccct	gtacccttgt	cttcagctgt	cactcgaaga	ataccattca	900	
catctatctc	aaaggtgact	tcaatctgtg	ggaccccacg	aggagcagga	ggaattccag	960	25
tcagatcaaa	tgtaccagca	agatgattgt	cttttgtcag	gggtctttca	ccttcataga	1020	
ccttgattgt	aacagttggg	tgattatcag	aagctgtaga	aaagatctga	gacttcttgg	1080	
taggcaccac	tgtgttcctt	ggaatcagtt	tgggtcatgac	acctcccaca	gtttcaatac	1140	
caagtgtgag	gggacataca	tcaagcagta	ccaggtcacc	tgtatcttga	tcaccagaga	1200	
gcacaccagc	ctggacagca	gcaccatacg	ctacagcttc	atctgggttt	atgccacggg	1260	30
atggttcctt	gccattgaag	aactctttta	ccagttgctg	aatctttgga	attcgagtcg	1320	
agccaccaac	aagaacaatt	tcatcaatat	cagacttctt	caaatcagaa	tcttccaaca	1380	
ctttctggac	gggcttcata	gtagaccgga	acagatccat	gttgagctct	tcaaatttgg	1440	
cccgagtcag	ggtctcagaa	aagtcttctc	cttcatagaa	ggactcaatt	tcaattcttg	1500	35
cttgatgctg	agaagacagg	gcccgtttgg	ccttttctac	ctcgcgcggg	agtttctgca	1560	
cagctctatt	gtctttcctg	acatctttgc	ccgtcttctt	tttgtacagt	ttgatgaagt	1620	
gttccatgac	acgctgggtc	aagtcttctc	caccagatg	agtatctcca	ttagtggcca	1680	
caacttcgaa	gacaccattg	tcaatgggtga	gaagagacac	atcgaagggt	ccgccacca	1740	
ggtcaaacac	caggatgttc	ttctccccct	ccctcttata	caggccataa	gcaatagcag	1800	40
ctgcgtagg	ctcgttgatg	atcctcataa	catttaggcc	agcaatagtt	ccagcgtctt	1860	
tggttgcttg	gcgttgggca	tcattaaaaa	aggctgggtac	agtaacaact	gcatgggtaa	1920	
ccttctttcc	caaataagcc	tcagcgggtt	ctttcatttt	agtgagaacc	atggcagaaa	1980	
tttcttcagg	agcaaagtgc	tttgtttgcc	cacctccaat	atcaacttga	atgtatgggt	2040	
tagttttctt	ttcaaccacc	ttgaacggca	agaacttgat	gtcctgctgc	acagacgggt	2100	45
catccacgt	gcggccgatg	agccgcttgg	cgtcaaagac	cgtgttctcg	gggttgaggg	2160	
tgagctgggt	cttgggcgga	tcgccaatca	gacgttcccc	ttcaggagtg	aaggcgacat	2220	
aggacggcgt	gatgcgggtg	ccttgatcgt	tggcgatgat	ctccacgcgg	ccgttcttga	2280	
acacgccgac	gcaggagtag	gtgggtccca	ggtcgatgcc	gaccaccgtg	cccacgtcct	2340	50
ccttcttgte	ctcctcctcg	gcccgcgcgg	cgctgagcag	cagcagcatc	gcggccacca	2400	
gggagagctt	catcttgcca	gccagttggg	cagcagcagg	cagtccagcc	acaggccgta	2460	
gcacaggagc	acagcgcaat	ttcggacttg	caggcggcag	gggcccgggg	tcacaaggcg	2520	
ccacgaacca	ggcgaagggc	aggtctagaa	atacaggccg	cggcgcttcc	ctctcacact	2580	
cgcgaaacac	cccaataggt	caatctgtct	gtgctgtctt	ggccggcatc	gaccttag	2639	55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 634 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

```

ctccccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg ccccccgccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtgccta ggcccgcctag ccgcgcacct cctcctcagc120
ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcggtctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
tgccagggtg acagccagt tcttgccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtttc tgcctggccc tgcattctgt tccagcccac ctgccctccc ctttttcggg540
actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 719 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcāagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttcct ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccgg cgagttcacg300
ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcacc cttacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacagggtc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600
tgaggagct gggagaccct cccacagtg ccacccatgc agctgctccc caggccaccc660
cgctgatgga gcccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

```

5

10

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

45

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcggtcca aggcattctgt gagccgcgg agtatacacc atgagcaaa ctcacccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaattggtg gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
tcctctctcc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtgttg tctcatctac480
cttataatat ctgc
494

```

50

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

acgcggctga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttcctggctc 60
ctccttcctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
cactctgcgc ttcaccatgg ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
ccgctttccc aggcgcctgg tggtccttgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggatgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
cttcgcctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacctttt ccctcatgac 540
cgatcccaag ctcatcatth ggagccctgt gcgcgcctca gatgtggcct ggaactttga 600
gaagtctctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ctttcccaac 660
catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
tgcctttccc ctctgcctgt ttccttttcc tctcccaacc ctctgggttg tgattcaact 900
tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa 1020
taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2744 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118:

5

acgcagggct	gggcgtgagg	gggcgtgcgc	gtgcgcaggc	gacgcgccga	ggtactaggc	60	
agagccgtgg	aaccgccgcc	aggtcgctgt	tggtccacgc	cgcccgtcgc	gccgcccgcc	120	10
cgctcagcgt	ccgccgccgc	catgggagtg	caggtggaaa	ccatctcccc	aggagacggg	180	
cgcaccttcc	ccaagcgcg	ccagacctgc	gtggtgcact	acaccgggat	gcttgaagat	240	
ggaaagaaat	ttgattcctc	ccgggacaga	aacaagccct	ttaagtttat	gctaggcaag	300	
caggaggtga	tccgaggctg	ggaagaagg	gttgcccaga	tgagtgtggg	tcagagagcc	360	
aaactgacta	tatctccaga	ttatgcctat	ggtgccactg	ggcaccagg	catcatccca	420	15
ccacatgcca	ctctcgctct	cgatgtggag	cttctaaaac	tggaatgaca	ggaatggcct	480	
cctcccttag	ctccctgttc	ttggatctgc	cgtggaggga	tctggtgcct	ccagacatgt	540	
gcacatgaat	ccatatggag	cttttcctga	tggtccactc	cactttgtat	agacatctgc	600	
cctgactgaa	tgtgttctgt	cactcagctt	tgcttccgac	acctctgttt	cctcttcccc	660	
tttctcctcg	tatgtgtgtt	tacctaaact	atatgccata	aacctcaagt	tactcatttt	720	20
attttgtttt	cattttgggg	tgaagattca	gtttcagctc	tttggaatata	ggtttccaat	780	
taagtacatg	gtcaagtatt	aacagcacia	gtggtagggt	aacattagaa	taggaattgg	840	
tggtgggggg	gggggtttgca	agaatatttt	attttaattt	tttggaatgaa	atttttatct	900	
attatatatt	aaacattctt	gctgctgcgc	tgcaaagcca	tagcagattt	gaggcgctgt	960	25
tgaggactga	attactctcc	aagttgagag	atgtcttttg	gttaaattaa	aagccctacc	1020	
taaaactgag	gtggggatgg	ggagagcctt	tgccctccacc	attcccaccc	accctcccct	1080	
taaacctctc	gcctttgaaa	gtagatcatg	ttcactgcaa	tgctggacac	tacaggatct	1140	
tgtccctggg	ccagcaggga	cctctgaagc	cttctttgtg	gccttttttt	tttttcatcc	1200	
tgtgggtttt	ctaattggact	ttcaggaatt	ttgtaatctc	ataactttcc	aagctccacc	1260	30
acttcctaaa	tcttaagaac	tttaattgac	agtttcaatt	gaagggtgct	ttttagact	1320	
taacacccag	tgaaagccca	gccatcatga	caaatccttg	aatgttctct	taagaaaatg	1380	
atgctggtca	tcgcagcttc	agcatctcct	gttttttgat	gcttggctcc	ctctgctgat	1440	
ctcagtttcc	tggtttttcc	tcctcagcc	ccttctcacc	cctttgctgt	cctgtgtagt	1500	
gatttggtga	gaaatcggtg	ctgcaccctt	ccccagcac	catttatgag	tctcaagttt	1560	35
tattattgca	ataaaaagtgc	tttatgccgg	cttttctcaa	aaaaagtgt	gagggaagg	1620	
tgcaagcaac	atctctcacc	aatcactac	acaggacagc	aaaggggtga	gaaggggctg	1680	
agggaggaaa	agccaggaaa	ctgagatcag	cagagggagc	caagcatcaa	aaaacaggag	1740	
atgctgaagc	tgcgatgacc	agcatcattt	tcttaagaga	acattcaagg	atgtgtcatg	1800	40
atggctgggc	tttcaactgg	tgtaagtct	acaaacagca	ccttcaattg	aaactgtcaa	1860	
ttaaagtctc	taagatttag	gaagtgggtg	agcttgga	gttatgagat	tacaaaattc	1920	
ctgaaagtcc	attagaaaaa	ccacaggatg	aaaaaaaaa	aaggccacaa	agaaggcttc	1980	
agaggtcctc	gctggcccag	ggacagatac	ctgtagtgtc	cagcattgca	gtgaacatga	2040	
tctactttca	aaggcagagg	gtttaagggg	aggggtgggtg	gcaatgggtg	aggcaaaggc	2100	45
tctccccatc	cccacctcag	ttttaggtac	ggcctttaat	ttaacccaaa	gacatctctc	2160	
aacttgagga	gtaattcagt	cagggcagat	gtctatacaa	agtggagtgg	aacatcagga	2220	
aaagctccat	atggattcat	gtgcacatgt	ctggaggcac	cagatccctc	cacggcagat	2280	
ccaagaacag	ggagctaagg	gaggaggcca	ttcctgtcat	tccagtttta	gaagctccca	2340	
caatcgaaga	cgagagtggc	atgtgggtgg	atgatgccct	tgccccaggt	ggcaccatag	2400	50
gcataatcct	ggagatatag	tcagtttggc	tctctgaccc	acactcatct	gggcaacccc	2460	
ttcttccocag	cctcggatca	cctcctgctt	gcctagcata	aacttaaagg	gcttgtttct	2520	
gtcccgggag	gaatcaaatt	tctttccatc	ttcaagcatc	cgggtgtagt	gcaccacgca	2580	
ggtctggccg	cgcttgggga	aggtgcgccc	gtctcctggg	gagatgggtt	ccacctgcac	2640	55
tcccatggcg	gcggcgagcg	ctgagcgggc	gggcggcgcg	acgggcggcg	tggaccaaca	2700	
gcgacctggc	ggcggttcca	cggctctgcc	tagtacctcg	gcgc		2744	

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 521 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119:

```

cttactgtcg tagttccgcg tctgaggctc gacgtcctgg ggtgccattg cctgcctgag 60
tcacgtgtca gggggaagct ggaaggcgct gttctccttt cccagctctc ctgcctgtcc120
gccatgtttt caggccgggt ctggcttggt ctcccccggt aaggaaatgg ccggggagct180
ccaggggacc caggcgccgt cgcttcggcg gagctgggct gaccagccag gacagcgggg240
taaaccogaa caattctgcg cgaggtaggg aggccatggc gtccggcagt aactggctct300
ccgggggtgaa tgtcgtgctg gtgatggcct acgggagcct ggacttgaaa gaggagattg360
atattcgact ctccagggtt caggatatca agtatgagcc ccagctcctt gcagatgatg420
atgctagact actacaactg gaaaccagg gaaatcaaag ttgcttacia ctatctgtat480
tagggtgaaa gctgctggga tgccatttc gtacctttt g 521

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 648 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:


```

ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gccccgctc ttgcgctct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcaggä tggcccacaal20
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acatattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtcaa atctttttca aatttaaatgt atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

```

5

10

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

45

```

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaccc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtccctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccgggggctc tgccaatcgc acctgccaaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtctca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttacct tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaaga ctcttcatg tacgacaccc ctcaagaggt 600
ggccgaagct ttcctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gaccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttaa ggtgtgaagc caagatatgg 840
tctagtgaca tatgccacat accccaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggcctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaacgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata1140
cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggggt1200

```

50

55

60

65

```

cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta1380
5 ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ctttcaaagg gacacgagag1440
ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttcactgt1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc1620
10 tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca1680
gactatcagg cccatttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc1740
tccaactacc acttgccagc aaaaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaagaaa1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaaacc gcccggggg gg 1842

```

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcacagca ctgaagtcag 360
55 ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540
tgtacaagac tgatctggag aaggacatta ttctggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatgggttg cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
60 tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaaag aggttaaagg 840
agacctggaa aatgctttcc tgaacctggg tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtatgt 900
tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
65 aatcatggtc tcccgagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc1080
gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140

```

```

ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgccaat aacagtcccc1200
gtggccatcc ctgtgagggg gacgttagca ttacccccaa cctcatttta gttgcctaag1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaagga1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctgggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
gctctgggac tgagctgtac agtatgggtg cccctatcca agtgtcgcta ttttaagttaa1560
atttaaatga aataaaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

5

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgcg ctggagtcg acgtggaagt tgctggctga 60
ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
ggcgaggagg gacagggggg tcatcatggg tggccttttc tcaagtatat tttccagtct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgttgga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccatttttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaacaa gtcaagtgtg cttcacacta ctagatgtta 780
aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaata 840
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatattct atttgtatgg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020
aaaaaaaaaa aaa 1033

```

45

50

55

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 5 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

ICLLVHFVSR AKTVNLTFYS WWVITENKDL FSCSLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
TPVCL 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

50 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIADVVRD NIAISGMLQA60
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 55 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:		
KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60		
T	61	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:		
(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren		15
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		25
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		30
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:		
LKNTNEVKAL NWYTLETPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60		35
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF	82	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:		40
(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		45
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
(iii) HYPOTHETISCH: ja		50
(vi) HERKUNFT:		55
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:		60
HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPKK SLDFVFYKNS60		
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI	90	
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:		65

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTS60
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFELQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

60

LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LRKRFETTAV120
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSEFFHRSP QLLLELDNVI300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLOALV LCLDGINS DT NIRWNNYIAG360
RAFVLCSAVS DFDFIVTIV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
GKY 423

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 5 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

25 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFERRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
 HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
 WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
 KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFEDIKHDLD LMVDITYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 35 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

55 RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60
 LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGECSWTA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 60 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

65

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFIKK QHTRKAELRN60
ADVYGKKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60
AMYKLG Y 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120
LFEELRQVVE VS 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
 NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
 APGSTF 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

25

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
 EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFP CGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDV GSGV QT 152

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

55

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

10 EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQKGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

15 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35 EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESEGSG 60
SEKSSAASEE EEEKESEEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSDCSGY HTACLRPPLM120
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240
40 GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

45 (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGRPFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

SGGFQSHSIL IYQTLQVILM YSNFETISRK ELLPLVWRYK RLTSYIKELP FPELLMESS 59

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NTSKSLGGFG KSECCDFENL HSREEDSSEV LAPASRKGD QESTYYMKHM PGTDGLDPSW60
GYARA 65

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

55

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPFAE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQEND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTCA WYYRVGFRFF RGGLFDFDEF FFYVIFGKTH SELYLVST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIIYLKC60
L 61

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

30

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

50

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

LIGVLSMLKI YTGQLQEITG EKLVSPPNKD FSVGFCLSWN LKETNGQSFE WEKARCLLPH60
LRCPFYIPLV GAHILPRLFS RYVGWNTS 88

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPD DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60
 GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

30

- (A) LÄNGE: 214 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

50

PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
 SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
 PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
 KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIFN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFERSGLNRM LEPRLDSDTL60
RF 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGA V CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLGISRKIKQ NTSPARLTCV YIIYIKQRATP TSQQLGEISA VHÄVVCQFGE ITPWKNWKNL60
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

RRPLFILRDR SRLPPRRLAP KTSMVVGRGR DVLGVAAGEA AAGKMADGKA GDEKPEKSQR 60
AGAAGGPEEE AEKPVKTKTV SSSNGGESSS RSAEKRSAAE EAADLPTKPT KISKFGFAIG120
SQTTKKASAI SIKLGSSKPK ETVPTLAPKT LSVAAAFNED EDSEPEEMPP EAKMRMKNIG180
RDTPTSAGPN SFNKGKHGFS DNQKLWERNI KSHLGNVHDQ DN 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

LPMANPNLEI FVGfVGRSAA SSSADRFsAL RLELSPPLLE ETVLVFTGFS ASSSGPPAAP 60
ARCDFSGFSS PAFPSAIFPA AASPAATPRT SRPRPTTIEV FGASRRGGSL ERSRRMKRGR120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

20

PSIDLEAEES QRLLKVVMWF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGKGKRK RGEE 75

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSIIQIAQP60
FYVHNSLL 68

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

5

LFFLFRYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDPPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

40

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

60

KSLLEFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60
KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSRKCK KDVFMPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120
EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180
EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGIINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSEAVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTQMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

50 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDEFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 60 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60
TLWLANHMLS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

KTEFGAQLGR HPGTSWLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQRLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
 SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEHSV LQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
 PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

AVYCILHQOK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

15

KVLRKLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGRTL VG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

20

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LQSRSVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

5 RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPSTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPVGGKQC RHWFCCHRQS EHLEL 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

30 RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
LVSEFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120
AFGIFLPQWG R 131

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

60 TAPCCRCPPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQLO VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 65 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLEFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

LGDSSEMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60
C60 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
 QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
 LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHPDPRLQ GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLWPHLRL 60
 HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120
 GCYRY 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20

```

RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK                                     200

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

30

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

50

```

AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSMQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F          111

```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

10 EIIWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETLEFKLFSL LDEDKDG MVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

15 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

35 ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

40 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

65 KTTIHGPCQN HLP PPHCF LK R PGTLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQ60
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RPPPSRSSL AGQTNTQHS SARES

25

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TMPSLSSRR LNSLKRVSR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

55

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

10 IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSFFESC VSVFFSFDLS NFSIS AISGL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

35 HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISR SQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSRLAAV A 101

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 10 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPQSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLA AH ASLRFACLLL LFNRFEGRQW IFLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60
 LFEKGDVNGE KEQKFYTFLL NSCPPTAELL GSPGRLFWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120
 PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

50

LMPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
 PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
 WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
 EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTP PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
 KKKRKKKKK 249

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

60

- (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15

AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNLPLCLR VPTTWS 156

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

45

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60
DSSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPKVKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

50

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLLH FGLLGLARDA 60
 LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120
 TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
 KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
 NQOKEKKEKK KKRSEFKGQMG RRHNL 145

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

55

PALSHLPRHQ INRKKRKRRR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
 LKKTAVKTVW VEGLSDEGFT YYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120
 SKSSDSHSDS DGEQEAE EGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
 SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240
 KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT 262

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

65

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REEEKKILQR ADG 73

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
KGNEVMIQ 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- 55 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLL LVALSYTLAR DTTVKPGAKK DTKDSRPKLP 60
QTL SRGWGDQ LIWTQTYEEA LYKSKTSNKP LMIIHHLDEC PHSQALKKVF AENKEIQKLA120
EQFVLLNLVY ETTDKHLSPD GQYVPRIMFV DPSLTVRADI TGRYSNRLYA YEPADTALLL180
DNMKKALKLL KTEL 194

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

15

(A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

35

SVHCFREDKM KFTIVEAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYGNF ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQKGP120
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

45

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

65

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

- 5 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

25

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
 LLLLALVAGE VLQDHRALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

30

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

50

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
 RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
 RSHSSFSDRF RRSLMT 136

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGY RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQKAV VLEYFTRHKR KEKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTPQMI QAKLLKADLH120
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLI SFNVPPIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
 PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
 FISAISRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFTLE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
 5 RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
 NSLFTGDTLG AGQFSFQRP LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLN RVNLEES300
 SGVENSPAGA RPKRKNKKS DLTPVDKFWQ KHKGSPPFEV AESVQOELES YRAQEDEVKR360
 LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSASV SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
 10 LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
 KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMTG SQFVMEGVKN540
 LVLKQQNLPV TRILDNLMM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAI VFVVG600
 GGNIEYQNL VDYIKGKGK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAA LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEH MVESPT 60
 40 CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGC C 101

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
 SPSVPQTRL D IWEQVG DSTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120
 ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

30

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

50

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

55

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHQAG 60
SDSLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60
IYTRKRSINI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLGLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180
PRNRIKQPNR IKLRRCR 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
 LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICTH AFFKAILFIC SGSIHSLAD120
 EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

30

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
 SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
 NLE 123

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

55

NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
 ILSSIEFMVT QCQVVIIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
 GDSRRMKIK 129

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

65

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

TSTTVFFFPF HSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

35

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFRL GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

40

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

60

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

65

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

- 5 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

25 INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
 YGGL 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 30 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

55 PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60
 HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 60 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPOIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCS RSRRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLELGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLPLK HDLLDLGQL QLSVHGAHGL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGP HQYLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

- (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KTKRSVKDAA KKGQKDVCI LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EEEEEALEA MQSRLATLRS180

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RKRRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFP 60
EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

10 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRITGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

20 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

40 KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

50 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60
 LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAA GPWRR RRTSGVQRTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
 TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

30

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
 IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
 PELDGKTAKM YR 132

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

35

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

55

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
 LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLOHRDLR HNTSRGFIRH120
 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCCKTSFE 159

60

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

```
ATLPDALPPA TKFFLKAFED SLPSPISQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

```
AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTCKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285:
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPSTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

65

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIEDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARE 98

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- 5 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 ;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

25 TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
 SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120
 SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 35 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 ;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

55 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
 GREWATWGLL CGADRTPQHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 60 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

15

SKGCSITETV TVDPGSIIP LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60
 LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
 STTFLCWQIC FQIDF 135

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
 ATGQVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFIICC120
 CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWNGAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
 ILTILSHGI 189

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

50

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

5 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSLPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60
 EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120
 PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180
 FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
 SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

35 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGSGS 60
 HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
 EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSDMD180
 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGR GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
 EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

65 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60
 DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLPFR TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 AVAAMSKDN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180
 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYGQGG MSGGGWRGMY 220

25

30

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID Nos. 1–50, 52–57
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID Nos. 1, 2, 18, 34, 51, 56, 61, 89, 98, 101, 106, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Testistumorgewebe erhöht exprimiert sind.
5. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID Nos. 27, 32, 42, 46, 60, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
6. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID Nos. 1–50, 52–57, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
10. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
12. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
14. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
15. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

35

40

45

50

55

60

65

16. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
17. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
18. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
19. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
20. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
21. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
22. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
24. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
25. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 124–257.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
28. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 124 bis 257, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
30. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 in sense oder antisense Form.
32. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
34. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257.
35. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
37. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123.
38. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
39. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
40. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

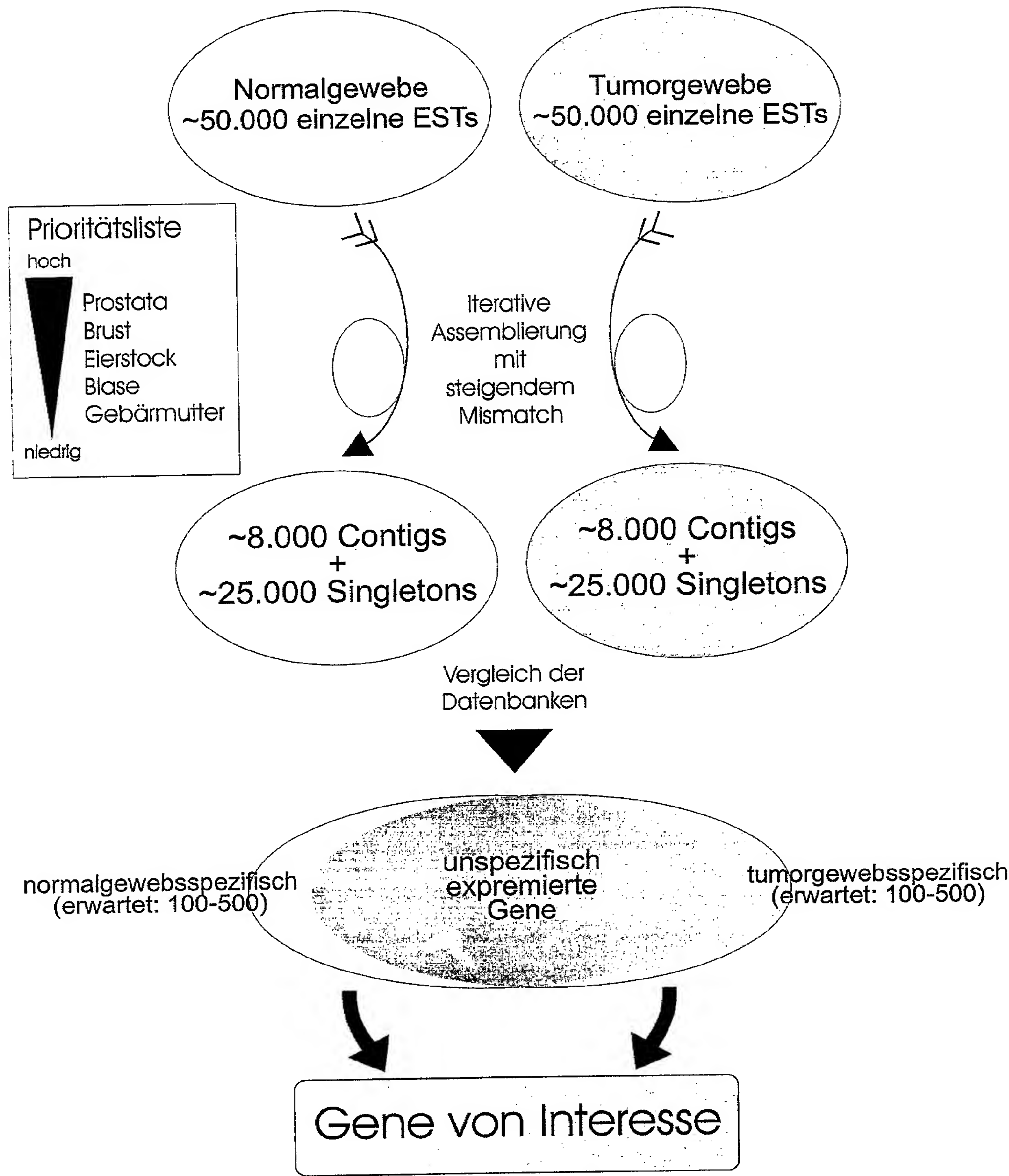


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

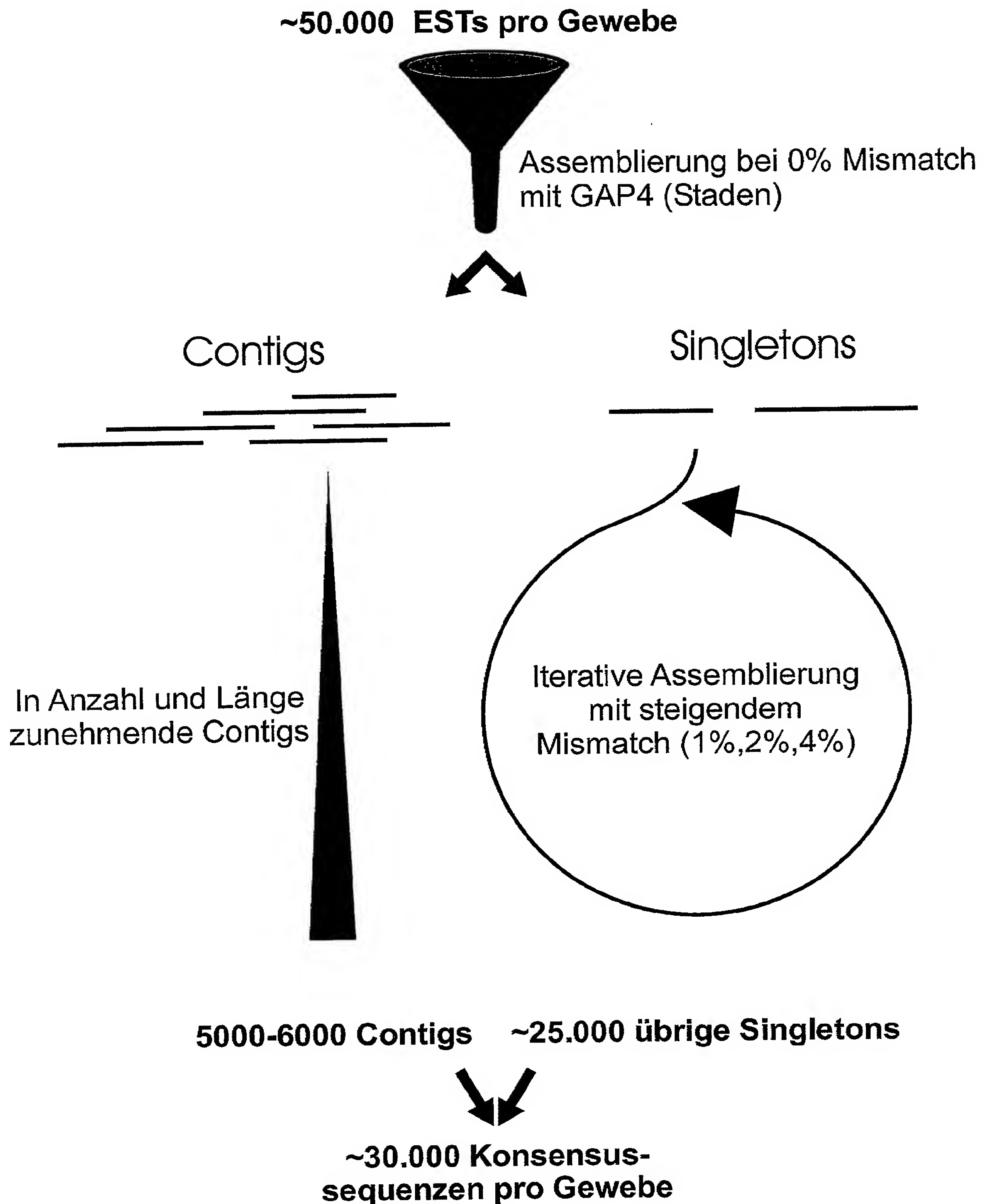


Fig. 2a

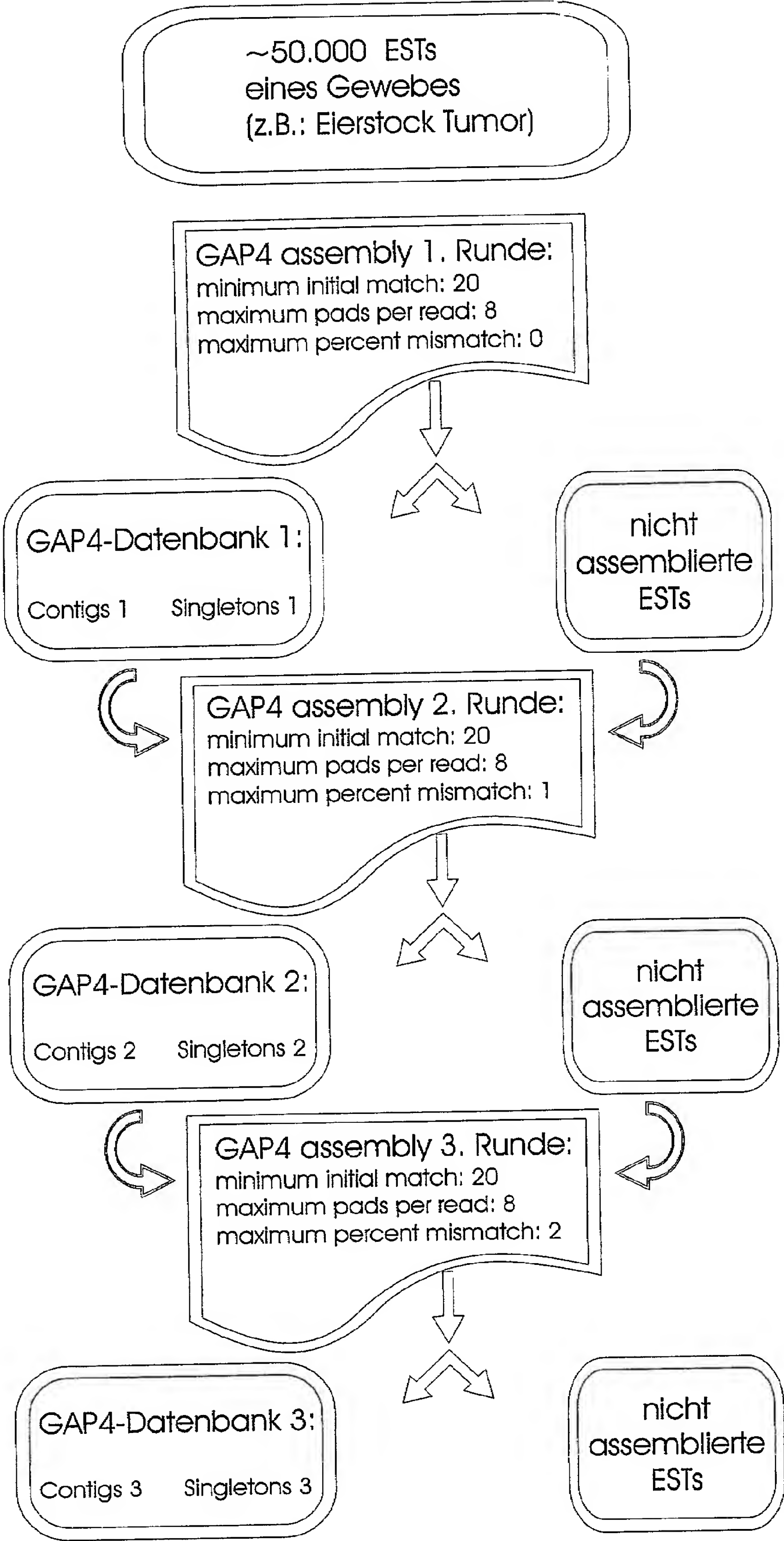


Fig. 2b1

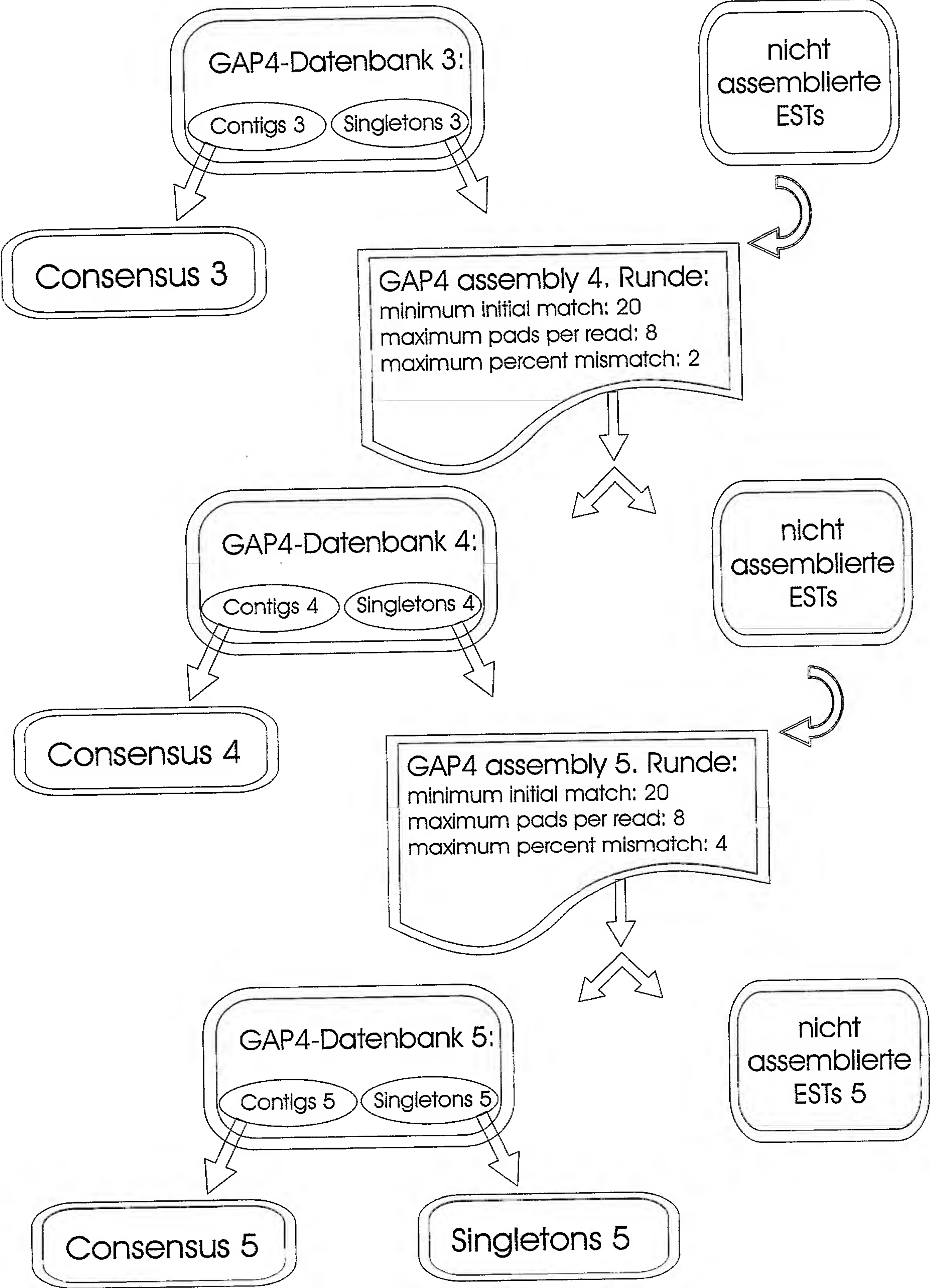


Fig. 2b2

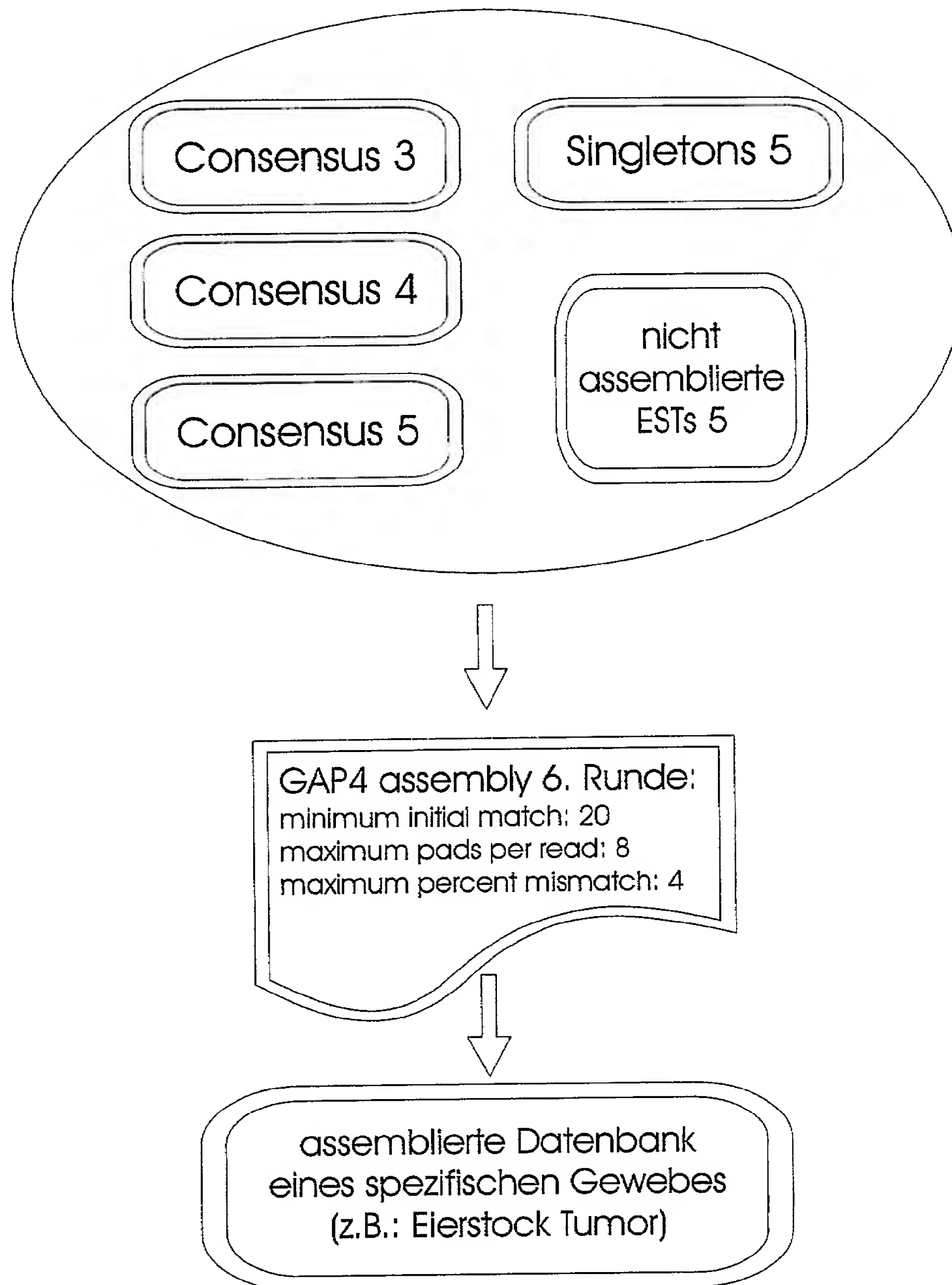


Fig. 2b3

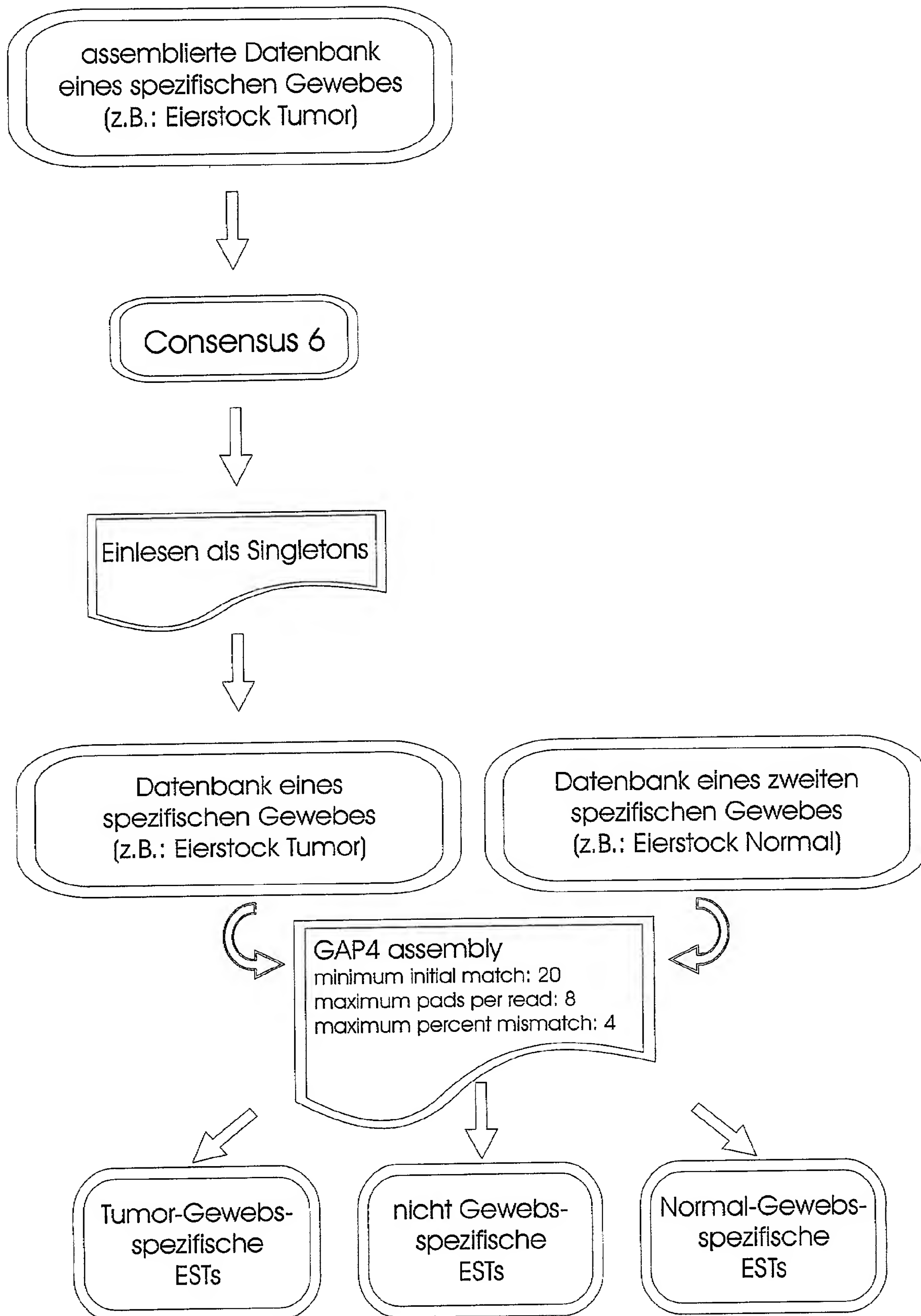


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

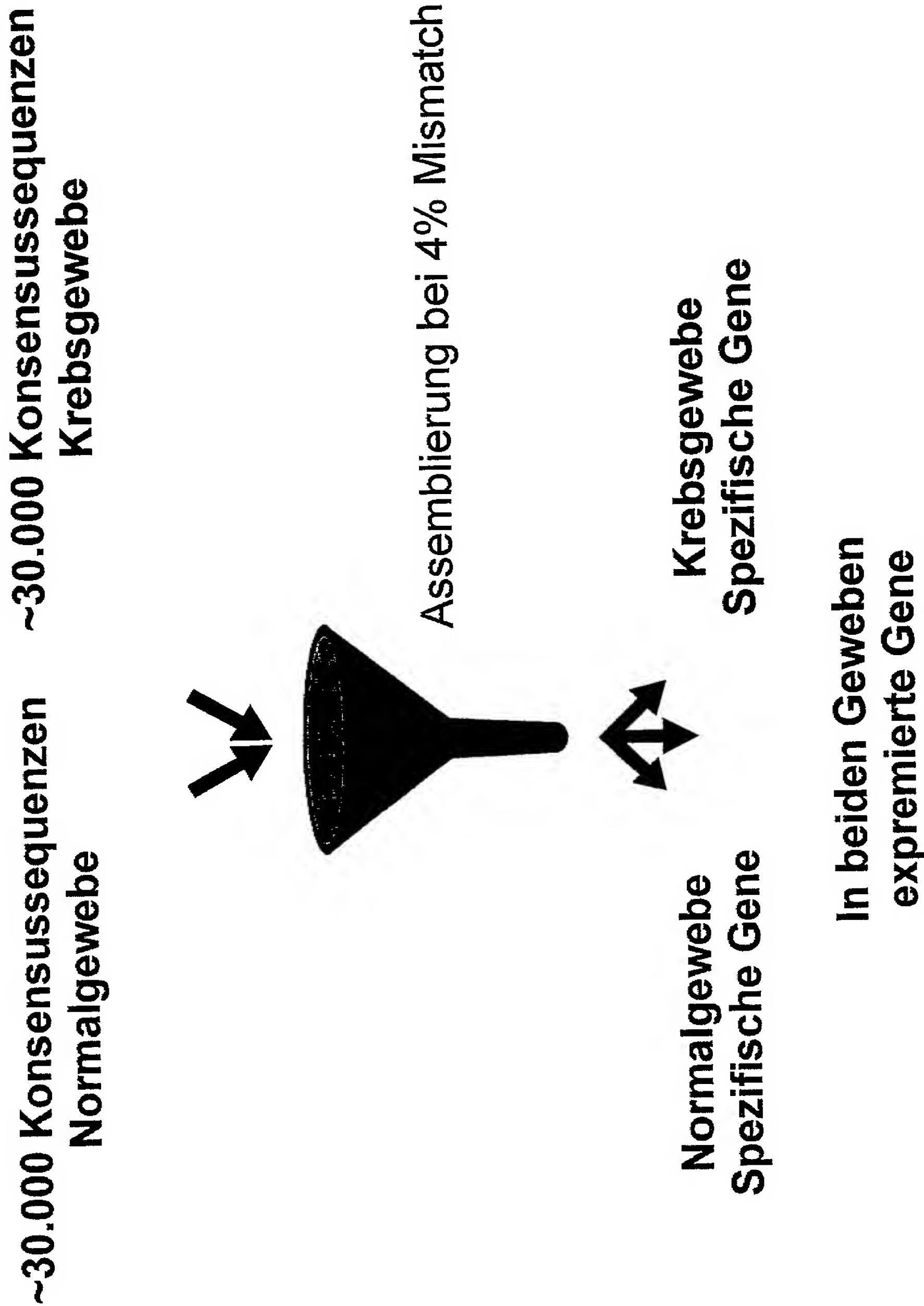


Fig. 3

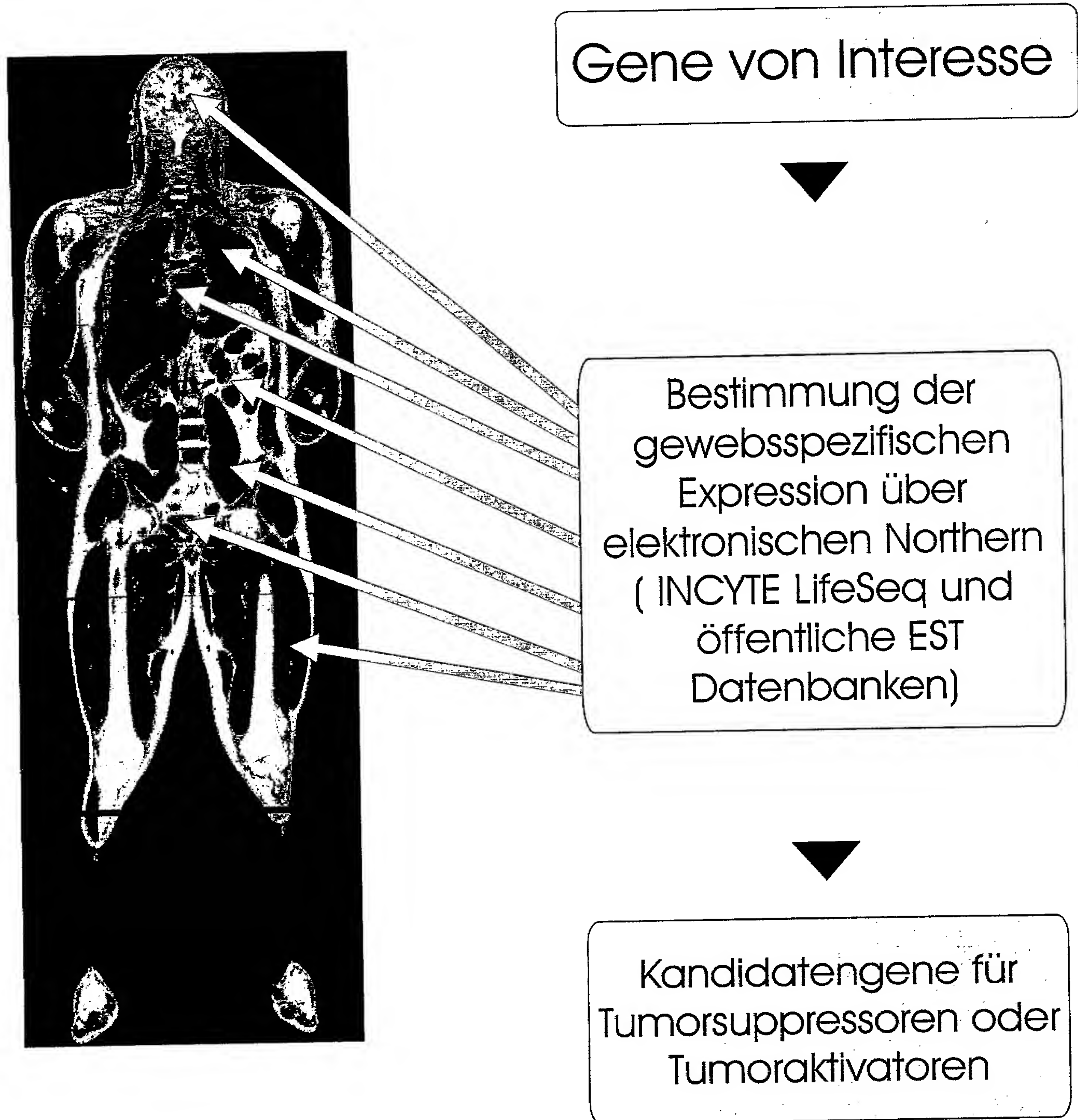


Fig. 4a

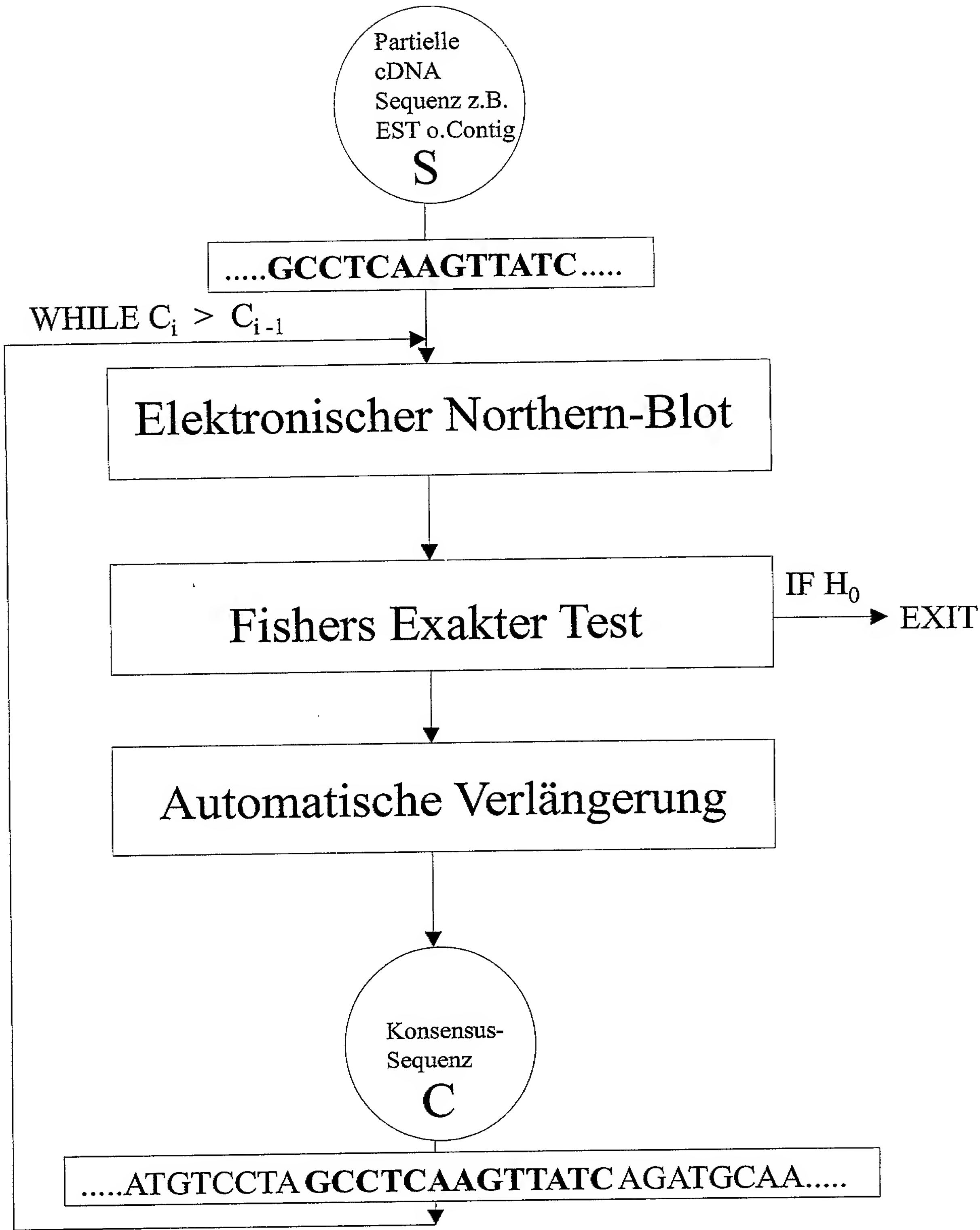


Fig. 4b

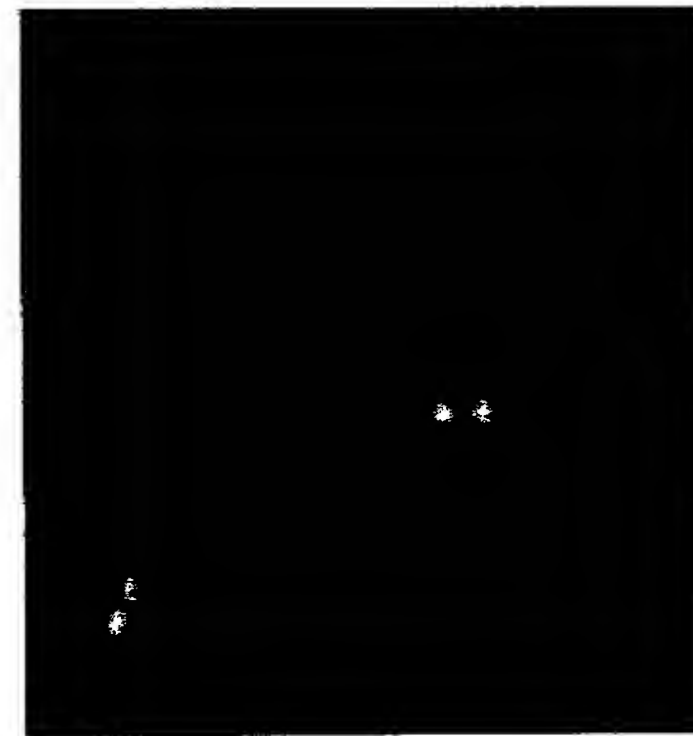
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5